

Fig. 1

T416	1651	GAAGAAGAGATCTGAGTATAGTTTGACTGTAATCGCTGAGGACAGGGGGAC	1700
AL137471	1	...AAGAGATCTGAGTATAGTTTGACTGTAATCGCTGAGGACAGGGGGAC	47
T416	1701	ACCCAGTCTCTCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAATCAATGATATCA	1750
AL137471	48	ACCCAGTCTCTCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAATCAATGATATCA	97
T416	1751	ATGACAAATCCACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAAATTTC	1800
AL137471	98	ATGACAAATCCACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAAATTTC	147
T416	1801	GAATAATAACTCACCCAGGGGCATATATCACCACTGTTACAGCCACAGATCC	1850
AL137471	148	GAATAATAACTCACCCAGGGGCATATATCACCACTGTTACAGCCACAGATCC	197
T416	1851	TGATCTTGGAGAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGGAGAGTTT	1900
AL137471	198	TGATCTTGGAGAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGGAGAGTTT	247
T416	1901	TTCTAGGAAGTTCCATAAATACATATGTAAACCATTGACCCCATCTAATGGA	1950
AL137471	248	TTCTAGGAAGTTCCATAAATACATATGTAAACCATTGACCCCATCTAATGGA	297

FIG. 2A

```
T416      1951  GCCATCTATGCCCTCAGAACTCTTTGATCATGAAGAAAGTGAGTCAGATCAC 2000
AL137471      298  GCCATCTATGCCCTCAGAACTCTTTGATCATGAAGAAAGTGAGTCAGATCAC 347

T416      2001  TTTTGTGGTAGAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAAGCAACTGGTAAGCA 2050
AL137471      348  TTTTGTGGTAGAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAAGCAACTGGTAAGCA 397

T416      2051  ATACCACAGTTGTGCTCACCATCATTTGACGAAATGACAAACGTTCCCTGTG 2100
AL137471      398  ATACCACAGTTGTGCTCACCATCATTTGACGAAATGACAAACGTTCCCTGTG 447

T416      2101  GTTATAGGGCCTGCATTCGGTAATAATACGGCAGAAATCACCATTTCCCAA 2150
AL137471      448  GTTATAGGGCCTGCATTCGGTAATAATACGGCAGAAATCACCATTTCCCAA 497

T416      2151  AGGGGCTGAAAAGTGGCTTTTCATGTCACAAGAAATAAGGGCAATTGACAGAG 2200
AL137471      498  AGGGGCTGAAAAGTGGCTTTTCATGTCACAAGAAATAAGGGCAATTGACAGAG 547

T416      2201  ACTCTGGTGTGAATGCTGAACTCAGCTGCGCCCATAGTAGCAGGTAATGAG 2250
AL137471      548  ACTCTGGTGTGAATGCTGAACTCAGCTGCGCCCATAGTAGCAGGTAATGAG 597
```

FIG. 2B

T416	2251	GAGAAATATCTTTCATAAATTGATCCACGATCATGTGACATCCATACCAACGT	2300
AL137471	598	GAGAAATATCTTTCATAAATTGATCCACGATCATGTGACATCCATACCAACGT	647
T416	2301	TAGCATGGATTCTGTTCCTTACACAGAAATGGGAGCTGTCAAGTTATCATTC	2350
AL137471	648	TAGCATGGATTCTGTTCCTTACACAGAAATGGGAGCTGTCAAGTTATCATTC	697
T416	2351	AGGACAAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAAAAGTCCCTTCTGAAGTGCAATG	2400
AL137471	698	AGGACAAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAAAAGTCCCTTCTGAAGTGCAATG	747
T416	2401	ATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTACAGCAATGACTTCAGTAAG	2450
AL137471	748	ATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTACAGCAATGACTTCAGTAAG	797
T416	2451	CCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGATAATAATTATTTCCCTTAGGAGCAA	2500
AL137471	798	CCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGATAATAATTATTTCCCTTAGGAGCAA	847
T416	2501	TTTGTGCAGTGTTCCTGGTTATTATGGTGCTATTTTGCAACTAGGTGTAAAC	2550
AL137471	848	TTTGTGCAGTGTTCCTGGTTATTATGGTGCTATTTTGCAACTAGGTGTAAAC	897

FIG. 2C

T416	2551	CGCGAGAAAGAAAGACACTAGATCCTTATACTGCAGGGTGGCCGAATCAAC	2600
AL137471	898	CGCGAGAAAGAAAGACACTAGATCCTTATACTGCAGGGTGGCCGAATCAAC	947
T416	2601	TTACCAGCACCCCAAAAAGGCCATCCCGGCAGATTCACAAAGGGGACA	2650
AL137471	948	TTACCAGCACCCCAAAAAGGCCATCCCGGCAGATTCACAAAGGGGACA	997
T416	2651	TCACATTGGTGCCCTACCATAAATGGCACTCTGCCCATCAGATCTCATCAC	2700
AL137471	998	TCACATTGGTGCCCTACCATAAATGGCACTCTGCCCATCAGATCTCATCAC	1047
T416	2701	AGATCGTCTCCAATCTTCATCTCCTTACCTTAGAAAAGAGGGCAGATGGGCAG	2750
AL137471	1048	AGATCGTCTCCAATCTTCATCTCCTTACCTTAGAAAAGAGGGCAGATGGGCAG	1097
T416	2751	CCGGCAGAGTCACAAACAGTCACCAGTCACCTCAACAGTTTGGTGACAATCT	2800
AL137471	1098	CCGGCAGAGTCACAAACAGTCACCAGTCACCTCAACAGTTTGGTGACAATCT	1147
T416	2801	CATCAAACCAACGTCGCCAGAGAATTCTCTCATTAGAACTCACCCACGCCACT	2850
AL137471	1148	CATCAAACCAACGTCGCCAGAGAATTCTCTCATTAGAACTCACCCACGCCACT	1197

FIG. 2D

T416	2851	CCTGCTGTTGAGCAGGTCCTCTCAGCTTCTTTCAATGCTTCACCCAGGGGCA	2900
AL137471	1198	CCTGCTGTTGAGCAGGTCCTCTCAGCTTCTTTCAATGCTTCACCCAGGGGCA	1247
T416	2901	ATATCAGCCAAAGACCAAGTTTTCGAGGAAACAAATAATTCAGGAGCTACA	2950
AL137471	1248	ATATCAGCCAAAGACCAAGTTTTCGAGGAAACAAATAATTCAGGAGCTACA	1297
T416	2951	GATATGCCCTTCAAGACATGGACAAAATTTAGCTTGAAAGACAGTGGCCGT	3000
AL137471	1298	GATATGCCCTTCAAGACATGGACAAAATTTAGCTTGAAAGACAGTGGCCGT	1347
T416	3001	GGTGACAGTGAGGCAGGAGACAGTGATGATGATTTGGGGCGAGATTCTCC	3050
AL137471	1348	GGTGACAGTGAGGCAGGAGACAGTGATGATGATTTGGGGCGAGATTCTCC	1397
T416	3051	AATAGATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTCAGCGACCTGTCTCTCACAGATG	3100
AL137471	1398	AATAGATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTCAGCGACCTGTCTCTCACAGATG	1447
T416	3101	GAAGAATTCACGACGCTATGAGACTCTGCACGGAGGAGTGCAGGGTCCCTG	3150
AL137471	1448	GAAGAATTCACGACGCTATGAGACTCTGCACGGAGGAGTGCAGGGTCCCTG	1497

FIG. 2E

T416	3151	GGACACTCTGACACAGTGGTGGATGCCACCACTGCCCCCTCACCGTCTTCTGA	3200
AL137471	1498	GGACACTCTGACACAGTGGTGGATGCCACCACTGCCCCCTCACCGTCTTCTGA	1547
T416	3201	TTATAGGAGTAACATGTTTCATTTCCAGGGGAAGAAATCCCCAACGCAACCCC	3250
AL137471	1548	TTATAGGAGTAACATGTTTCATTTCCAGGGGAAGAAATCCCCAACGCAACCCC	1597
T416	3251	AGCAGCAGCATCCACATCAGAGTCTTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGAT	3300
AL137471	1598	AGCAGCAGCATCCACATCAGAGTCTTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGAT	1647
T416	3301	TCCGGTGAAAAGAAAGAGATTTTCCACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAA	3350
AL137471	1648	TCCGGTGAAAAGAAAGAGATTTTCCACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAA	1697
T416	3351	CGATGAGGACACTGGGGATACCAGCACATCATCTCTGCTCTCGGAAATGA	3400
AL137471	1698	CGATGAGGACACTGGGGATACCAGCACATCATCTCTGCTCTCGGAAATGA	1747
T416	3401	GCAGTGTGTTCCAGCGTCTCTTACCGCCTTCCCCTGGACACCTATTCTGAA	3450
AL137471	1748	GCAGTGTGTTCCAGCGTCTCTTACCGCCTTCCCCTGGACACCTATTCTGAA	1797

FIG. 2F

T416	3451	TGCAGTGAGGTGGATCGGTCCAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTT	3500
AL137471	1798	TGCAGTGAGGTGGATCGGTCCAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTT	1847
T416	3501	GCCAGCCAAAACCTGTGGGTTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCA	3550
AL137471	1848	GCCAGCCAAAACCTGTGGGTTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCA	1897
T416	3551	GTACGCAATTTTCAAAATCCCAACCACTGTGGCCCGCCACTTGGAACCT	3600
AL137471	1898	GTACGCAATTTTCAAAATCCCAACCACTGTGGCCCGCCACTTGGAACCT	1947
T416	3601	CACCTCCAGTGTGCAGCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGAT	3650
AL137471	1948	CACCTCCAGTGTGCAGCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGAT	1997
T416	3651	CCCTGAAAATTTATGAGGAAGATGATTTTGACAAATGTGCTCAACCACCTCA	3700
AL137471	1998	CCCTGAAAATTTATGAGGAAGATGATTTTGACAAATGTGCTCAACCACCTCA	2047
T416	3701	ATGATGGGAAAACACGAACTCATGGATGCCAGTGAACTGGTGGCAGAGATT	3750
AL137471	2048	ATGATGGGAAAACACGAACTCATGGATGCCAGTGAACTGGTGGCAGAGATT	2097

FIG. 2G

T416	3751	AACAAACTGCTTCAAGATGTCCGCCAGAGCTAGGAGATTTTAGCGAAGCA	3800
AL137471	2098	AACAAACTGCTTCAAGATGTCCGCCAGAGCTAGGAGATTTTAGCGAAGCA	2147
T416	3801	TTTTTGTTCCTCCATGTATATGGAAATAGGGAACAACAACAACAAAAAA	3850
AL137471	2148	TTTTTGTTCCTCCATGTATATGGAAATAGGGAACAACAACAACAAAAAA	2197
T416	3851	CCCTGAAAGAACTGGCATTGCCAAATAGTTGCATTTATCATAAATGTGTC	3900
AL137471	2198	CCCTGAAAGAACTGGCATTGCCAAATAGTTGCATTTATCATAAATGTGTC	2247
T416	3901	TGTGTATATTGAATATATAAATACTGTATTTTCGTATGTACACAATGCAAG	3950
AL137471	2248	TGTGTATATTGAATATATAAATACTGTATTTTCGTATGTACACAACAAAAAA	2297
T416	3951	TGTGATTATTTTAAATCTGTATTTTAAATAATACATTTGTACCTTATATTA	4000
AL137471	2298	AAAG.....	2338

FIG. 2H

T416	1	...ATGCACCAAATG..AATGCTAAAATGCACCTTTAGGTTTGTTTTGCA	45
m-PC	1	ATGATGCTACTTCTGCCATTCTCTGCTAGGGCTCTTAGGGCCAGGAAGCTA	50
T416	46	CTTCTGATAGTATCTTTCAACCACGATGTACTGGGCA...AGAAATTGAA	92
m-PC	51	CT..TGTTCAATTTCAGGGGATTTGTCAGGAGGTGGCCACTGTTCATGGTGAA	98
T416	93	ATACAGGATTTATGAGGAACAGAGGGTTGGATCAGTAATTGCAAGACTAT	142
m-PC	99	ATTCCAAGTGACAGAGGAAGTGCCGCTCTGGCACCGTGATAGGGAAACTGT	148
T416	143	CAGAGGATGTGGCTGATGTTTATTGAAGCTTCCTAATCCTTCTACTGTT	192
m-PC	149	CCCAAGAACT..AAGA.GTGGAGGAGAGGCGTGGGAAGGCAGGAGATG..	193
T416	193	CGATTTCGAGCCATGCAGAGGGGAAATTCTCCTCTACTTGTAGTAAACGA	242
m-PC	194	CCTTCCAGATTCTGCAGCTGCCCTCAGGCCACTGCCGGTTCAGATGAACTC	242

FIG. 3A

T416	243	GGATAATGGGAAATCAGCATAGGGGCTACAATTGACCGTGAACTGT	292
m-PC	243	TGAGGACGGCCTGCTCAGCACTTCCAGCCGGCTGGATCGGAGAAGCTAT	292
T416	293	GCCAGAAAACCTTGAACCTGTTCATAGAGTTTGAATGATCACTCTACCC	342
m-PC	293	GTCCGCAGGAAGATCCCTGTCTGGTGTCAATTGACGTG.....CTTGCC	336
T416	343	ACA.GAGCATCTGCAGCTTTTCCATATTTGAAGTTGAAGTGCTGGATATTA	391
m-PC	337	ACAGGGCGTCTGC.TCTAATTCAATGTGGAGATTCAGGTGCTAGACATCA	385
T416	392	ATGACAAATCTCCCCAGTTTTCAGAATCTCTCATACCTATTGAGATATCT	441
m-PC	386	ATGACCACCCAGCCACAGTTTCCCAAAGACGAGCAGGAACTGGAAATCTCA	435
T416	442	GAGAGTGCAGCAGTTGGGACTCGCAATCCCCCTGGACAGTGCAATTGATCC	491
m-PC	436	GAGAGTGCCCTCTCTGCACACACGAATCCCCCTTGGACAGAGCTCTTGACCA	485

FIG. 3B

T416	492	AGATGTTGGGAAATTCCTCCACACATACTCGCTCTCTGCCAAATGATT	541
m-PC	486	AGACACGGGTCTAACAGCTTATATTCCTACTCCCTGTCTCCCAGTGAAC	535
T416	542	TTTTTAATATCGAGGTTCCGACCAGGACTGATGGAGCCCAAGTATGCAGAA	591
m-PC	536	ACTTGGCCCTGGATGTTATTGTGGCCCTGATGAGACCAAAACATGCAGAG	585
T416	592	CTCATAGTGGTCAGAGAGTTAGATCGGGAGCTGAAGTCAAGCTACGAGCT	641
m-PC	586	CTTGTGGTGGTGAAGGAGTTGGACAGGGAACCTCCACTCATATTTTGATCT	635
T416	642	TCAGCTCACTGCCCTCAGAC.ATGGGAGTACCTCAGAGGTCCTGGCTCATCC	690
m-PC	636	GGTGCTGACCGCCCTATGACAAATGGGAAT.CCCCCTAAGTCAGGAATCAGC	684
T416	691	ATACTAAAAATAAGCATTTTCAGACTCCCAATGACAAACAGCCCCCTGCTTTTGA	740
m-PC	685	GTGGTCAAGGTCAATGTCCTGGACTCCAATGACAATAGTCCAGTGTTCG	734

FIG. 3C

T416	741	GCAGCAATCTTATATAATACAACTCTTAGAAAACTCCCGGTTGGCACTT	790
m-PC	735	TGAGAGTTCACTAGCACTAGAAATCCAGAAAGACACTGTTCTCTGGTACTC	784
T416	791	TGCTCTTAGATCTGAATGCCACGGATCCAGATGAGGGCGCTAATGGGAAA	840
m-PC	785	TTCTCATAAACCTGACTGCTACAGATCCCGACCAAGGACCCCAATGGGGAG	834
T416	841	ATTGTATATTCCCTTCAGCAGTCATGTGTCTCCCAAAATTATGGAGACTTT	890
m-PC	835	GTAGAGTTCTTCTTTGGCAAGCATGTGTCCCCCAGAGGTGATGAACACCTT	884
T416	891	TAAAAATTGATTCGAAAAGAGGACATTTGACTCTTTTCAAGCAAGTGGATT	940
m-PC	885	TGGCATAGATGCCAAGACAGAGGCCAGATCATTTCTGCGCCCAAGCCCTAGATT	934
T416	941	ATGAAATCACCCAAATCCCTATGAGATTGATGTTTCAGGCTCAAGATTTGGGT	990
m-PC	935	ACGAGAAAGAACCCCTGCCTATGAGGTGGATGTCCAGGCAAGGGATTTGGGT	984

FIG. 3D

T416	991	CCAAATTCAATCCAGCCCATTTGCAAAATTATAATTAAAGGTTGTGGATGT	1040
m-PC	985	CCCAATTCCATCCAGGCCATTGCAAAAGTTCTTATCAAAAGTTCTGGATGT	1034
T416	1041	TAATGACAAATAAACCTGAAATTAACATCAACCTCATGTCCCCTGGAAAAG	1090
m-PC	1035	CAATGACAAATGCCCC.....AAGCATCCTCATCACGT...GGGCCTCC	1074
T416	1091	AAGAAATATCTTATATTTTGAAGGGGATCCTATTGATACATTTGTGCT	1140
m-PC	1075	CAGACGTCGCT..GGTGTCAAGAGATCTTCCAGGGATAGCTTCATTGCC	1122
T416	1141	TTGGTCAGAGTTCAGGACAAGGATTCTGGGCTGAATGGAGAAATAGTTTG	1190
m-PC	1123	CTTGTCAGTGGGAATGACTTGGACTCAGGAAACAACGGTCTCGTCCACTG	1172
T416	1191	TAAGCT...TCATGGACATGGTCACCTTTAAACTTCAGAAAGACATATGAAA	1237
m-PC	1173	TTGGCTGAATCAAGAGCTGGGCCACTTCAGACTGAAAAGGACTAACGGCA	1222

FIG. 3E

T416	1238	ACAATTATTAACTTAACTAAATGCCACACTGGATAGAGAAAAGAGATCT	1287
m-PC	1223	ACACGTACATGCTGCTCACCAATGCCACACTGGACAGAGAGCAGTGGCCC	1272
T416	1288	GAGTATAGTTTGACTGTAAATCGCTGAGGACAGGGGACACCCAGTC..TC	1335
m-PC	1273	ATATATACTCTCACTGTGTGTTGCCCAAGAC.CAAGGAC.CCCAGCCCCTTA	1320
T416	1336	TCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAAATCAATGATATCAATGACAAATCC	1385
m-PC	1321	TCAGCTGAGAAGGAGCTCCAAATTCAGGTTAGTGATGTCAATGACAAATGC	1370
T416	1386	ACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAAATTCAGAAAATAACT	1435
m-PC	1371	CCCTGTGTTTGAGAAAGAGCCGGTACGAGGTCTCCACTTGGGAAAATAACC	1420
T416	1436	CACCAGGGGCATATATCACCCACTGTGTACAGCCACAGATCCTGATCTTGGA	1485
m-PC	1421	CACCCCTCTTTCACCTCATCACGCTCAAAGCGCATGATGCTGACTTGGGC	1470

FIG. 3F

T416	1486	GAAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGA.GAGTTTATTTCT.AGGA	1533
m-PC	1471	AGTAATGGAAAGTGTCATACCGTATCAAGGACTCCCCCGTTTCTCACTT	1520
T416	1534	AGTTCATAA [.] CTACATATGTAA [.] CCCATCTAA [.] TGGAGCCAT	1580
m-PC	1521	AGT..CATTATTGACTTTGAAACAGGAGAA [.] GTCACTGCTCAGAGGTCACT	1568
T416	1581	...CTATGCC [.] ...TCAGAAATCTTTGA.. [.] TC...ATGA.AGAAGTGAGTC	1618
m-PC	1569	GGACTATGAACACAGATGGCAGGCTTTGAGTTCCAGGTGATAGCAGAG.GAC	1617
T416	1619	AGATCAC.TTTTGTGGTAGAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAGCAACT	1667
m-PC	1618	AGAGGGCAACCCAGCTCGCATCCAG.CATCTCGGTGTGGGTTAGCCTCT	1666
T416	1668	GGTAAGC.....AATACCACAGTTGTG.CTCACC.....ATCATTTGAC	1704
m-PC	1667	TGGATGCCCAATGATAATGCCCCAGAAAGTGATTCAGCCTGTGCTCAGTGAA	1716

FIG. 3G

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.

Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)

Attorney/Agent: Mario Cloutier

Docket No.: MPI2000-535OMN1CN1M

Replacement Sheet 17 of 213

T416	1705	GAAATGACAAACGTTCCGTGGTTATA.....GGCC.....	1736
m-PC	1717	GGCAAAGCCACCCTTTCGGTGCTTGTAATGCCCTCCACGGGCCACCTTCT	1766
T416	1737	..TG..CATTGCGTA.....AT.AATACGGCAGAAATCACCATTCTC	1771
m-PC	1767	GTTGCCCATTGAGAAATCCCAGTGGCATGGATCCAGCAGGTACTGGTATAC	1816
T416	1772	..CCAAAGG.GGCTGAAAG....TGG.CTTT.CATGTCACAAGAATAAGG	1812
m-PC	1817	CACCAAAGGCTACCCACAGCCCCCTGGTCTTTCCCTTTTGTAAACAATCGTG	1866
T416	1813	GCAATTGACAGAGACTCTGGTGTAATGCTGAACCTCAGCTGCGCCATAGT	1862
m-PC	1867	GCTAGGGATGCAGACTCGGGGGCCAAATGGGGAACCTCTCTACAGCATTC	1916
T416	1863	AGCAGGTAATGAGGAGAAATATCTTCATAATTGATCCACGATCATGTGACA	1912
m-PC	1917	AAGTGGGAATGATGCTCATCTCTT.TTTCCTCAGCC.CTTCCTTGGGGCA	1964

FIG. 3H

T416	1913	TCCAT..ACCAACGTTAGC.ATGGATTCTGTTCCTACACAG..AATGGG	1957
m-PC	1965	GCTATTTCATTAAATGTCACCAATGCCAGCAGCCTCATCGGGAGTCAGTGGG	2014
T416	1958	AGCTGTCAGTTATTCATTTCAGGACAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAA	2007
m-PC	2015	ACCTGGGGATAGTGGTAGAGGACCAGGGCAGCCCTCCTTGCAGACCCAA	2064
T416	2008	GTCCCTTCTGAAGTGCATGATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTAC	2057
m-PC	2065	GTTTCATTGAAGGTCGTG...TTTG..TCACCAGTGT..GGACCACCTAA	2107
T416	2058	AGCAATGACTTCAGTAAGCCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGA.TAATA	2106
m-PC	2108	GGGATTCTGCTCA.TGAGCCCGGAGTTCT..GAGCACACCAGCACTGGCT	2154
T416	2107	ATTATTTCCCTTAGGAGCAATTGTGTCAGTGTTCCTGGTTATTATGGTGCT	2156
m-PC	2155	TTGATCTGCCCTGGCTGTACTGCTGGCCATCTTTGGATTGCTCTTAGCCCT	2204

FIG. 3I

T416	2157	ATTGCAACTAGGTGTAACCGCGAGAGAAAGACACTAGATCCTATAACT	2206
m-PC	2205	GTTCGTGTCCATCTGCAGGACAGAGAGAAAGGATAATAGGGCCTACAACT	2254
T416	2207	GCAGGGTGGCCGAATCAACTTACCAGCACCCCAAAAAGGCCATCCCGG	2256
m-PC	2255	GTCGAGAAGCTGAGTCGTATACCGCCACCCAGCCCAAGAGGCCCCAGAAA	2304
T416	2257	CAGATTACACAAAGGGGACATCACATTGGTGCCCTACCATAAAATGGCACTCT	2306
m-PC	2305	CACATTCAGAAGGCAGATATCCACCTGGTGCCCTGTGT.TAGGGCCAC.	2352
T416	2307	GCCCATCAGATCTCATCA..CAGATCGTCTC.CATCTTCATCTCCTA..	2350
m-PC	2353	GAGAAATGAGA.CTGATGAAGTCAGGCCCATCTCACAAAGGATACCAGCAAGG	2401
T416	2351	..CCTTAGAAAGAGGGCAGATGGG.....CAGCCGGCAGAGTCACAA	2390
m-PC	2402	AGACACTGATGGAGGCAGGCTGGGACTCTTGCCCTGGAGGCCCCCTTCCAC	2451

FIG. 3J

T416	2391	CAGTCACCAGTCACTCAACAGTTTGGTGACAAATCTCATCAAAACCACG...	2437
m-PC	2452	CTCACACCA.ACCCTATACAGGACCCCTGCGTAACCAAGGCAACCAGGGAG	2500
T416	2438	...TGCCAGA.....GAATTCTTCT.CATTAGAAC.TCACC...CACGCC	2472
m-PC	2501	AACTGGCAGAGAGCCAGGAGGTACTGCAGGACACCTTCAACTTCTCTTT	2550
T416	2473	ACTCCCTGC..TGTTGA.GCAGGTCTCTC...AGCTTCT...TTCAATGC	2512
m-PC	2551	AACCATCCCAGGCAGAGGAATGCCCTCCCCGGGAGAACCTAAACCTTCCTGA	2600
T416	2513	TTCAACCAGGGGCAATA..TCAGCCAAGACCAAG..TTTTCGAGGAAACAA	2558
m-PC	2601	GTCCCCCACCCTGCTGTACGCCAACCACTCTTAAGGCCCTCTGAAGGTGCCTG	2650
T416	2559	ATATTCCAGGAGCTACAGATA.TGCCCTTCAAGACATGGACAAATTTAGC	2607
m-PC	2651	GTAGCCCCATAGCGAGGGCGACTGGAGACCAAGACAAGGAGGA...GGC	2696

FIG. 3K

T416	2608	TTGAAAGACAGTGGCCGTTGGTGACAGTGAGGC..AGGAGACAG.TGATTA	2654
m-PC	2697	CCCACAGAGCCCCACGCGTCTCTGCAACCCCTAAGACGACAGCGGAATT	2746
T416	2655	TGATTTGGGCGGAGATTCTCCAATA.GATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTC	2703
m-PC	2747	TCAAT..GGCAAAGTGTCTCCTAGAGGAGAGTCCGGTCTCATCAGATTC	2794
T416	2704	..AGCGACCTGTTT...CTCACAGATGGAAAGAAATTCACGAGCTATGAGA	2748
m-PC	2795	TGAGGAGCCCTGGTTAGGCTCTCTG.TGGCTGCTTTTGCGGA...ACGGAA	2840
T416	2749	CTCTGCACGGAGGAG..TGCAGGGTCCTGGGACACTCTGACCAGTGCTGG	2796
m-PC	2841	CCCCG..TGGAGGAGCCCTGCTGGGGACT..CTCCTCCTGTCCAGCAAATC	2886
T416	2797	ATGCCACCACTGCCCTCAC...CGTCTCTGATTATAGGAGTAACATGT	2842
m-PC	2887	TCCCAGCTGCTGTCTTGCTGCACCAAGGGCCAATTCCAGCCCCAACCAAA	2936

FIG. 3L

T416	2843	TCATTCCAGGGGAAGAATTCCCAACGCAACCCAGCAGCAGCATC.....	2887
m-PC	2937	CCA..CCGAGGAAATAAATACTTGGCCAAGCCCGCGCAGCAGCAGGGG	2984
T416	2888	CACATCAGAGTC.TTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGATTCCGGTGAAA	2935
m-PC	2985	TACCATCCCAGACACAGAGGGCCTTG.TAGGCCTCAAGCCT.AGTGGCCA	3032
T416	2936	AGAAGAAAGAGTTTTCACACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAACGATGAGGAC	2985
m-PC	3033	AGCAGAA.....CCTGACCTGGAAGAAGGGC.CCCCGAGCCCGGAGGA.	3074
T416	2986	ACTGGGGATACCAGCACATC.ATCTCTGCTCTCGGAAATGAGCAGTGIGT	3034
m-PC	3075	...GGACCTTCTGTAAAGCGACTTCTAGAAAGAAGAGCTGTCGAGCCTGT	3121
T416	3035	TCCAGCGTCTCTTACCGCCCTTCCCTGGACA..CCTATTCTGAATGCAGTG	3082
m-PC	3122	TGACCCCTAATACAGGTCTAGCCCTGGACAAGCTGAGTCCGCCTGACCCA	3171

FIG. 3M

T416	3083	AGGTGGATCG.GTCCAAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTTGCCAGC	3131
m-PC	3172	GCCTGGATGGCGAGATTGTCAATTGCCCCCTCA.....CCACCAATTATCGA	3216
T416	3132	CAAAACTGTGGGTTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCAGTACGC	3181
m-PC	3217	GACAACT.TGTCCTCCCCCGATGCTACAACATCAGAGGAACCGAGAAC..	3263
T416	3182	ATTTTCAAAATCCCACCACTGTGGCCCGCCACTTGGAACCTCACTCC	3231
m-PC	3264	.CTTCCAGACATTCGGCAAGACAGTTGGACCCGGGAC.CCGAGCTGAGCCC	3311
T416	3232	AGTGTGCAGCCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGATCCCT..	3279
m-PC	3312	AACAGGCACGCGCCTGGCCAGCACTTTCGTCTCGGAGATGAGCTCTCTGC	3361
T416	3280	..GAAA..ATTATGAGGAAGATGATTTTGACAATG..TGCT.CAACCACC	3322
m-PC	3362	TGGAAATGTTGTTGGGGCAGCACACGGTACCAGTGGAAGCTGCGTCCGCG	3411

FIG. 3N

T416	3323	TCAATGATGGGAAACACGAACATCATGGATG.....CCAGT...GA.....	3359
m-PC	3412	GCTTTGCGGAGGCTCTCGGTGTGCGGGAGGACCCCTCAGTCTAGACCTAGC	3461
T416	3360	...ACTGGTGGCAGAGATTAACAA..ACTGCTT..CAAGATGTCCGC.C	3400
m-PC	3462	CACCAGTGGGGCTTCAGCTTCAGAAGCACAGGGTAGAAAGGAGGAGCTG	3511
T416	3401	AGAGC.....	3405
m-PC	3512	AGAGCAGACTTGGCTGTGGCAGGAATCTA	3540

FIG. 30

m-PC	1	MMLLLPFLGLGPGSYLFISGDCQEVATVMVKFQVTEEVPSGTVIGKLS	50
T416	1	.MHQMNAKMHFRFV FALLIVSFN.HDVLGKNLKYRIYEEQVRGSVIARLS	48
m-PC	51	QELR...VEERRGKAGDAFQILQLPQALPVQMNSEDLSTSSRLDREKLC	98
T416	49	EDVADVLLKLPNPSTVRFAMQRGNSPLLNVNEDNGEISIGATIDREQLC	98
m-PC	99	RQEDPCLVSFDV..LATGASALIHVEIQVLDINDHQPFQPKDEQELEISE	146
T416	99	QKNLNCSEIEFDVITLPTHEHLQLFHFIEVEVLDINDNSPQFSRSLPIEISE	148
m-PC	147	SASLHTRIPLDRALDQDTGPNLSLYSLSPSEHFALDVIVGPDETKHAEL	196
T416	149	SAAVGTRIPLDSAFDPDVGENSLHTYSLSANDFFNIEVTRTRTDGAKYAE	198
m-PC	197	VVKELDRELHSYFDLVLTAYDNGNPPKSGISVVKVNVLDNSDNSPVFAE	246
T416	199	IVVRELDRELKSSYELQLTASDMGVQPQRSGSSILKISISDSNDNSPAFEQ	248

FIG. 4A

m-PC	247	SSLALEIPEDTVPGTLLINLTATDPDQGPNGEVEFFFGKHVSPEVMNTFG	296
T416	249	QSYIIQLLENSPVGTTLLDLNATDPDEGANGKIVYSFSSHVSPKIMETFK	298
m-PC	297	IDAKTGQIILRQALDYEKNPAYEVDVQARDLGPNSIPGHCKVLIKVLVDN	346
T416	299	IDSERGHLTLFKQVDYEITKSYEIDVQAQDLGPNSIPAHCKIIIIKVVDN	348
m-PC	347	DNAPSILITWAS...QTSLVSEDLPRDSFIALVSANDLDSGNGLVHCW	392
T416	349	DNKPEININLMSPGKEEISYIFEGDPIDTFVALVRVQDKDSGLNGEIVCK	398
m-PC	393	LNQELGHFRLKRTNGNTYMLLTNATLDREQWPIYTLTVFAQDQGPQLSA	442
T416	399	LHGH.GHFKLQKTYENNYLILTNATLDREKRSEYSLTVIAEDRGTPSLST	447
m-PC	443	EKELQIQVSDVNDNAPVFEKSRYEVSSTWENNPPSLHLITLKAHDADLGSN	492
T416	448	VKHFTVQINDINDNPPHFQORSRYEFVISENNSPGAYITTVTATDPPDLGEN	497

FIG. 4B

m-PC	493	GKVSRIKD.....SPVSHLVIIIDFETGEVTAQRSLDYEOMAGFEFQVIA	537
T416	498	QVTTYFILESFILGSSITTYVTIDPSNGAIYALRIFDHEEVSQITFVVEA	547
m-PC	538	EDRGQP.QLASSISVWVSLLDANDNAPEVIQPVLSEKATLSVLVNASTG	586
T416	548	RDGGSPKQLVSNNTTVLTIIDENDNVFVIGPALRNNTAEITIPKGAESG	597
m-PC	587	HLLLPENPSGMDPPAGTGIPPKATHSPWSFLLLTIVARDADSGANGELFY	636
T416	598FHVTRIRAI DRDSGVNAELSC	618
m-PC	637	SIQSGNDAHLFFLSPSLGQLFINVTNASSLIGSQWDLGIVVEDQGSPSLQ	686
T416	619	AIVAGNEENIFIIDPRSCDIHTNV.SMDSVPYTEWELSVIIQDKGNPQLH	667
m-PC	687	TQVSLKVV...FVTSVDHLRDSAHEPGVLSTPALALICLAVLLAIFGLLL	733
T416	668	TKVLLKCMIFEYAESVTSTAMTSVSQASLDVSMIIISLGAICAVLLVIM	717

FIG. 4C

m-PC	734	ALFVSI	CRTER	KNRAYN	CREAES	SYRHQ	PKRPQ	KHIQ	KADI	HLVP	VLRA	783	
T416	718	VLFAT	RNREK	KDTR	SYNCR	VAESTY	QHHPK	RPSR	QIHK	GDIT	LVPTING	767	
m-PC	784	HENET	DEV	..PSH	KDTSK	ETLME	AGWD	SCLEA	PFHL	TP	TLTYR	TLRNQ	GN
T416	768	TLPIR	SHR	SSP	SSPT	LERG	QMGS	RQSH	NSHQ	SLNS	LV	TISSN	HVPENF
m-PC	832	QGELA	ESQ	EV	LQD	TEN	FLFN	HPRQ	RNAS	REN	LN	PES	PPAVR
T416	818	SLEL	THAT	PAVE	QVSQ	LLS	MLH	QGQY	QPRP	SFRG	NKY	RSYR	YALQDMDK
m-PC	882	VPGS	PIAR	ATG	DQD	KEEA	PQSP	PASS	ATL	RRQ	RNF	NGK	VSPR
T416	868	FS...	LKDS	GRGD	SEAG	SDYD	LG	RDSP	IDRL	LLGE	GFSD	FL	TDGRIPA
m-PC	932	LRSL	VRLS	VAA	FAERN	PVEE	PAGD	SPVQ	QISQ	LLS	LLH	QGQF	QPKPNHR
T416	914	AMRL	CTEE	CRV	LGHSD	QCW	MPPL	PSP	SSDY	RSNM	FIPG	EEFT	QPPQQHP

FIG. 4D

m-PC	982	GNKYLA	KPGSSRG	TIPDTE	GLVGL	.KPSG	QAE	PDL	EEG	PPS	PEED	LSVK	1030																																					
T416	964	HQ	SLEDDA	QPAD	S	GEKKK	SF	STFG	KDSP	NDE	DTG	DTST	SLLSEM	SVFQ	1013																																			
m-PC	1031	RL	EEEEL	..	S	LLDP	NTGL	ALDK	LSP	PDP	PAW	MAR	LSL	PLT	TNYR	DN	LS	1077																																
T416	1014	RL	PPSL	D	TY	SEC	SEV	DRS	NSL	ERR	KG	PL	PAK	T	VG	YP	QGV	AA	AA	ST	HFQ	1063																												
m-PC	1078	P	D	ATT	S	E	E	P	R	T	F	Q	T	F	G	K	T	V	G	P	G	P	E	L	S	P	T	G	T	R	L	A	S	T	F	V	S	E	M	S	S	L	L	E	M	L	L	G	Q	1127
T416	1064	N	P	T	T	N	C	G	P	P	L	G	T	H	S	..	S	V	Q	P	S	S	K	W	L	P	A	M	E	E	I	P	E	N	Y	E	E	D	D	F	D	N	V	L	N	H	L	N	D	1110
m-PC	1128	H	T	V	P	E	A	A	S	A	L	R	R	L	S	V	C	G	R	T	L	S	L	D	L	A	T	S	G	A	S	E	A	Q	G	R	K	K	A	E	S	R	L	G	C	G	R	N	L	1180
T416	1111	G	K	H	E	L	M	D	A	S	E	L	V	A	E	I	N	K	L	L	Q	D	V	R	Q	S	1135																						

FIG. 4E

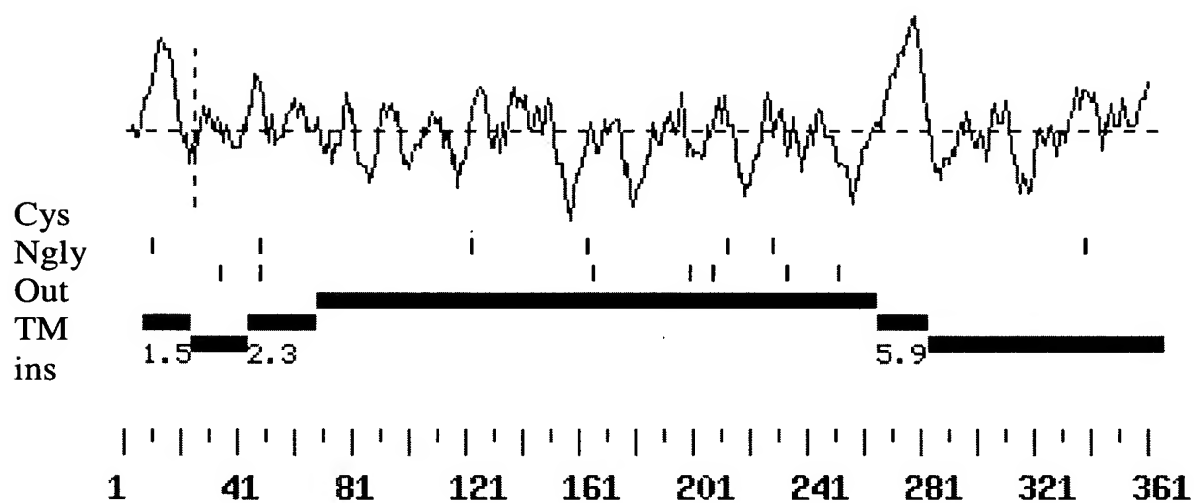


Fig. 5

GAAGTTGAAG	TGAAAGTTTA	ATAAGCAAAA	GAAGAAAGCA	CTCCACTGCA	GAGAGGGGGC	2246
GAAGTTGAAG	TGAAAGTTTA	ATAAGCAAAA	GAAGAAAGCA	CTCCACTGCA	GAGAGGGGGC	121136
CCAAAAGAGG	GTTGCCATTT	CACAGCTGAA	TACAAAGGCA	TAAGGCACAC	ATTTCTGGTA	2186
CCAAAAGAGG	GTTGCCATTT	CACAGCTGAA	TACAAAGGCA	TAAGGCACAC	ATTTCTGGTA	121196
GCTCCACCCC	ATCCTCGTAG	TGTGCATGCA	AGCCCTTAGC	TTGAGTTACT	CCATGTGGCT	2126
GCTCCACCCC	ATCCTCGTAG	TGTGCATGCA	AGCCCTTAGC	TTGAGTTACT	CCATGTGGCT	121256
TTGTTCCCCCT	TACTGTGCAT	GTGTCAGGGG	ATGGAATTTT	CTATTGTGAG	CATGCTTAGG	2066
TTGTTCCCCCT	TACTGTGCAT	GTGTCAGGGG	ATGGAATTTT	CTATTGTGAG	CATGCTTAGG	121316
CAAGTCCTCCT	GTGTAGCCCT	GTTTAAATGT	ATGTGGCTGT	GGGCATGTTT	TAGGCAAGCC	2006
CAAGTCCTCCT	GTGTAGCCCT	GTTTAAATGT	ATGTGGCTGT	GGGCATGTTT	TAGGCAAGCC	121376
CCCCGTGTACA	AGTTCCCCTTA	TCTGCAGTTT	GATTTTTCAG	GCTGTTCTTT	TGTTTGAAGG	1946
CCCCGTGTACA	AGTTCCCCTTA	TCTGCAGTTT	GATTTTTCAG	GCTGTTCTTT	TGTTTGAAGG	121436

Fig. 6A

AATTGACTG	AGGGCCACC	CTAACTGCCT	GCCTGACTAG	TTTCTTCCTT	CCTCCTCTCT	1886
AATTGACTG	AGGGCCACC	CTAACTGCCT	GCCTGACTAG	TTTCTTCCTT	CCTCCTCTCT	121496
CAATAGCACC	TGAATATCAG	AACCAGAGAA	AGGCAAGAAA	TATGACAACA	GTCACAAATA	1826
CAATAGCACC	TGAATATCAG	AACCAGAGAA	AGGCAAGAAA	TATGACAACA	GTCACAAATA	121556
CCACAAGAA	CATTTGAAA	CCACTTTTA	TCCAGTTTC	TCATGGCCTA	GATCCAACAG	1766
CCACAAGAA	CATTTGAAA	CCACTTTTA	TCCAGTTTC	TCATGGCCTA	GATCCAACAG	121616
GAAATAAGTCC	CGTGAATCTA	AATGGCCAAC	TTTAGATAAA	GGGCCATTTT	TCTTAAATTGA	1706
GAAATAAGTCC	CGTGAATCTA	AATGGCCAAC	TTTAGATAAA	GGGCCATTTT	TCTTAAATTGA	121676
CTGATTATTC	CACCTCTCCT	AAATTATTTA	TAATGAGATG	TACTGGCTGT	TGTGCAGATT	1646
CTGATTATTC	CACCTCTCCT	AAATTATTTA	TAATGAGATG	TACTGGCTGT	TGTGCAGATT	121736
TTGCCCTGAC	AGGCCCATAA	ATAATTGAGG	GCCCTTTTAT	TATCTAAAAAC	TATTTTAACC	1586
TTGCCCTGAC	AGGCCCATAA	ATAATTGAGG	GCCCTTTTAT	TATCTAAAAAC	TATTTTAACC	121796

Fig. 6B

AACACATTTA	CATAGGTCTC	TTGGGCCCTCT	AAAGCTTGAG	CTGTTTATT	TACTATTGG	1526
AACACATTTA	CATAGGTCTC	TTGGGCCCTCT	AAAGCTTGAG	CTGTTTATT	TACTATTGG	121856
GCCATAGTCA	GGGATAAAAA	TGTTTAGAAA	CATGTTTAG	TTTAGAAAATA	CCTAGTGAGG	1466
GCCATAGTCA	GGGATAAAAA	TGTTTAGAAA	CATGTTTAG	TTTAGAAAATA	CCTAGTGAGG	121916
GTTAGAAAAT	CTTAGTCAAA	CTAGTGAGAT	CTGGTGGTCA	GTTATTGATC	AGATAAAATA	1406
GTTAGAAAAT	CTTAGTCAAA	CTAGTGAGAT	CTGGTGGTCA	GTTATTGATC	AGATAAAATA	121976
TGAGGAATTC	CCCTCTCTAA	GCCATAGTTT	CTAAATGTGT	GAGAAAACA	AGCAGTCCAC	1346
TGAGGAATTC	CCCTCTCTAA	GCCATAGTTT	CTAAATGTGT	GAGAAAACA	AGCAGTCCAC	122036
ACATAGTTCA	GGCCCTGGTC	TGAACACTAA	AGTCTGGTTC	ATTCACAGAG	ATATAATACT	1286
ACATAGTTCA	GGCCCTGGTC	TGAACACTAA	AGTCTGGTTC	ATTCACAGAG	ATATAATACT	122096
TGTTTAGTAT	GGAGAAAGAG	AGGAGGCTT	TACAACACAT	CACCCCAGAG	TCACAAACCA	1226
TGTTTAGTAT	GGAGAAAGAG	AGGAGGCTT	TACAACACAT	CACCCCAGAG	TCACAAACCA	122156

Fig. 6C

CCATACAGAG	GTCAGATGGT	ATGTGACAGC	TAGGTCCTCT	GTGATAGGAA	ACTGGATTGG	1166
CCATACAGAG	GTCAGATGGT	ATGTGACAGC	TAGGTCCTCT	GTGATAGGAA	ACTGGATTGG	122216
AACACAGCCA	ACATTCCCAA	CACCTGATGG	TGAAGAGGGA	CTGACAAAAGT	CCTTTCCAGC	1106
AACACAGCCA	ACATTCCCAA	CACCTGATGG	TGAAGAGGGA	CTGACAAAAGT	CCTTTCCAGC	122276
AGGCCTGTCC	CTTGAGGCTT	GTAAGGTTGG	CAGCAGCTGC	TCTAAAAGCT	TTTTACTAGC	1046
AGGCCTGTCC	CTTGAGGCTT	GTAAGGTTGG	CAGCAGCTGC	TCTAAAAGCT	TTTTACTAGC	122336
CCAAGACACA	GGGCTGAACT	TTGCTTTTGA	GCCCCCTTACC	TTTTTCCCAAG	GAATCAAAAC	986
CCAAGACACA	GGGCTGAACT	TTGCTTTTGA	GCCCCCTTACC	TTTTTCCCAAG	GAATCAAAAC	122396
AATTAATAAA	ACCAGTCCAA	CACCAATGAA	TGAAATAGGC	CACCAATGAA	TGGAAAAATT	926
AATTAATAAA	ACCAGTCCAA	CACCAATGAA	TGAAATAGGC	CACCAATGAA	TGGAAAAATT	122456
ATCTGTCTTC	TCAGTTTCAG	AA				904
ATCTGTCTTC	TCAGTTTCAG	CA				122478

Fig. 6D

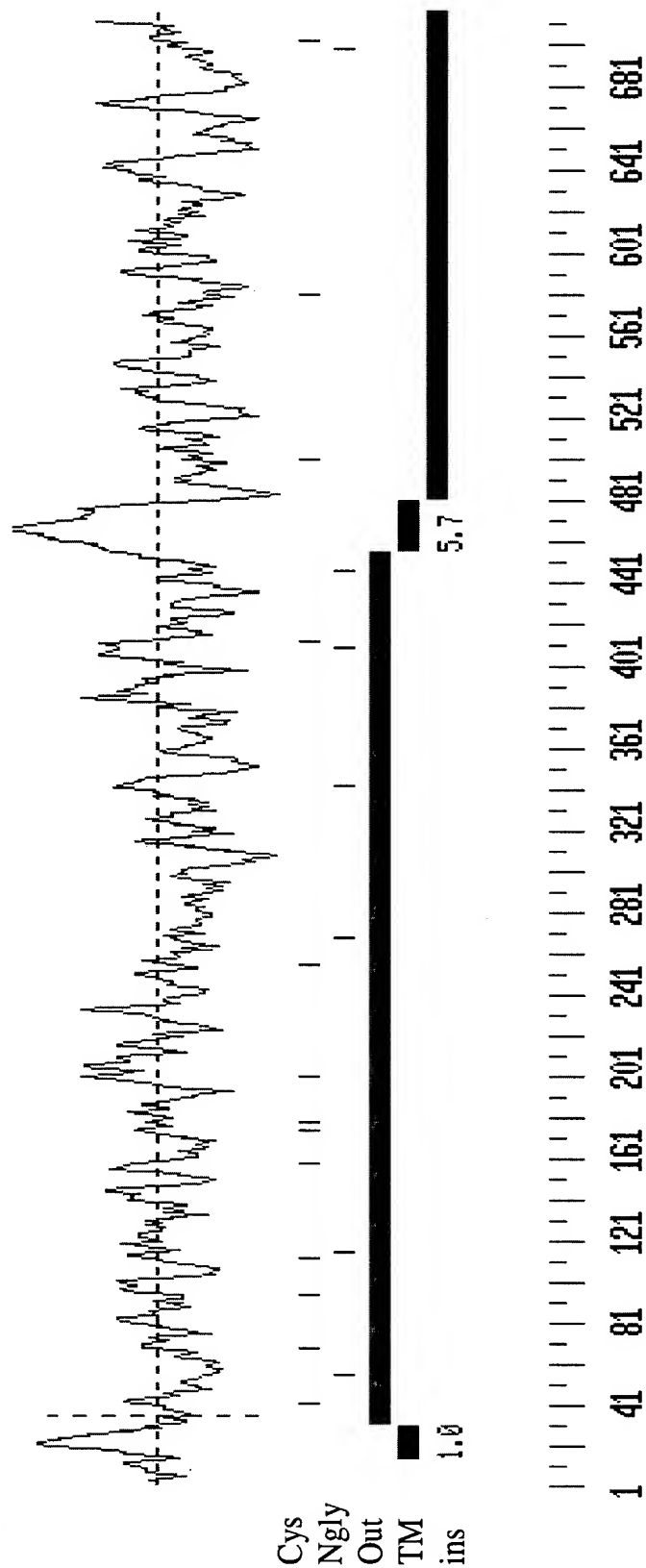


Fig. 7

10		20		30		40		50		60		70		80		90		100	
M	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQVFGKSNDFVPTESYGTTSVQNVSQIFGRNDESTMPTRSYGTVCPRNWDHFHQKCFFFSFSESPWKDSMDY																		
R	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQVFGKSNDFVPTESYGTTSVQNVSQIFGRNDESTMPTRSYGTVCPRNWDHFHQKCFFFSFSESPWKDSMDY																		
H	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQIFNKSNDFGTTTTSYGT--VSQIFGSSSPSPNGFITTTTSYGTVCPRNWDHFHQKCFFFSFSESPWKDSMDY																		
A	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQIFNKSNDFGTTTTSYGT--VSQIFGSSSPSPNGFITTTTSYGTVCPRNWDHFHQKCFFFSFSESPWKDSMDY																		
C	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQIFNKSNDFGTTTTSYGT--V-----CPKDWEFYQARCFLLSTSESSWNESRDF																		
E	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYF-----CPKDWEFYQARCFLLSTSESSWNESRDF																		
B	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQIFNKSNDFGTTTTSYGT--VSQIFGSSSPSPNGFITTTTSYGTVCPRNWDHFHQKCFFFSFSESPWKDSMDY																		
D	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYFPQIFNKSNDFGTTTTSYGT--V-----CPKDWEFYQARCFLLSTSESSWNESRDF																		
F	MNWHMIIISGLIVVVIKVVGMTFFLLYF-----CPKDWEFYQARCFLLSTSESSWNESRDF																		
110		120		130		140		150		160		170		180					
M	CATQGSTLAIVNTPEKLYLQDIAGIENYFVGLVRQPGKKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCEVSRYRWICEMNAK																		
R	CATQGSTLAIVNTPEKLYLQDIAGIENYFVGLVRQPGKKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCEVSRYRWICEMNAK																		
H	CKGKGSTLAIVNTPEKL-FLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
A	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
C	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
E	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
B	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
D	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		
F	CKGKGSTLAIVNTPEKLKFLQDITDAEKYFVGLIYHREEKRWWINNSVFNGNVTNQDNQFDCVTIGLTKTYDAASCDISYRRICEKNAK																		

Fig. 8

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	
A	GTGGTCGGCCGAGGTGAGACTGTGAAGAAGGAAGAACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
B	GTGGTCGGCCGAGGTGAGACTGTGAAGAAGGAAGAACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
C	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
D	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
E	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
F	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200	
A	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
B	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
C	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
D	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
E	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
F	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300	
A	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTATTATTTCCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										
B	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTTTTATTTCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										
C	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTTTTATTTCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										
D	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTTTTATTTCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										
E	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTTTTATTTCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										
F	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTACTTTTATTTCACACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCAACCAC										

Fig. 9A

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400	
A	CAGGAGCTATGGAACAGTCTCACAGATTTTGGGAGCAGTTCCCAAGTCCCAACGGCTTCATTACCACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGCCCCAAAGAC										
B	CAGGAGCTATGGAACAGTCTCACAGATTTTGGGAGCAGTTCCCAAGTCCCAACGGCTTCATTACCACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGCCCCAAAGAC										
C	CAGGAGCTATGGAACAG-----TCTGCCCCAAAGAC										
D	CAGGAGCTATGGAACAG-----TCTGCCCCAAAGAC										
E	-----TCTGCCCCAAAGAC										
F	-----TCTGCCCCAAAGAC										
	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500	
A	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
B	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
C	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
D	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
E	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
F	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAGGAAAGGATCCACATTGGCAA										
	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600	
A	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
B	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
C	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
D	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
E	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
F	TTGTCAACACGCCAGAGAACTGAAGTTTCTTCAGGACATAACTGATGCTGAGAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										

Fig. 9B

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700	
A	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
B	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
C	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
D	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
E	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
F	TTGGATCAACAAC	TCTGTGTTCAAT	TGGCAATGTTAC	CAATCAGAAAT	TTCAGAAATTT	CAACTGTGCG	ACCATTGGCC	TAAACAAAG	ACATTTGAT	TGCTGCATCA	
	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800	
A	TGTGACATCAGT	ACCGCAGGAT	CTGTGAGAA	GAATGCCAAAT	GATCACAGT	TCCCTGTG	ACAAGAACT	ATACTTGC	AACCTCTTTT	TGAATCCATACAGG	
B	TTCAACCTGGA	ATAGCTCAA	CGCTGACAC	TTGACTCTG	TCTGCTCT	TCTCCTTT	TCTTCCAA	CCCATCTATTC	-----	-----	
C	TGTGACATCAG	TACCGCAGG	ATCTGTGAG	AAATGCCAA	ATGATCACAG	TTCCTG	TGACAAGAA	CTATACTT	TGCAACTCT	TTTGAATCCATACAGG	
D	TTCAACCTGGA	ATAGCTCAA	CGCTGACAC	TTGACTCTG	TCTGCTCT	TCTCCTTT	TCTTCCAA	CCCATCTATTC	-----	-----	
E	TGTGACATCAG	TACCGCAGG	ATCTGTGAG	AAATGCCAA	ATGATCACAG	TTCCTG	TGACAAGAA	CTATACTT	TGCAACTCT	TTTGAATCCATACAGG	
F	TTCAACCTGGA	ATAGCTCAA	CGCTGACAC	TTGACTCTG	TCTGCTCT	TCTCCTTT	TCTTCCAA	CCCATCTATTC	-----	-----	
	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900	
A	TCGTCGTGGC	CAATGATTC	TTTACTTAC	CTATCTGT	CTACCA	GATAGCGG	TCCCTTG	CCCCATTT	TGGGAA	AACTGAGCTTCTTTCTCTGCACTGGGGGACTGG	
B	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	
C	TCGTCGTGGC	CAATGATTC	TTTACTTAC	CTATCTGT	CTACCA	GATAGCGG	TCCCTTG	CCCCATTT	TGGGAA	AACTGAGCTTCTTTCTCTGCACTGGGGGACTGG	
D	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	
E	TCGTCGTGGC	CAATGATTC	TTTACTTAC	CTATCTGT	CTACCA	GATAGCGG	TCCCTTG	CCCCATTT	TGGGAA	AACTGAGCTTCTTTCTCTGCACTGGGGGACTGG	
F	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	

Fig. 9C

910		920		930		940		950		960		970		980		990		1000	
A	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
B	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
C	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
D	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
E	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
F	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTTGACTGAT																		
1010		1020		1030		1040		1050		1060		1070		1080		1090		1100	
A	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
B	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
C	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
D	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
E	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
F	CAAAAAGGCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTATTTAGCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT																		
1110		1120		1130		1140		1150		1160		1170		1180		1190		1200	
A	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		
B	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		
C	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		
D	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		
E	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		
F	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTCTGTGACTTTCGTCCTCTGTTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG																		

Fig. 9D

	1210	1220	1230	1240	1250	1260	1270	1280	1290	1300	
A	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
B	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
C	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
D	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
E	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
F	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
	1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390	1400	
A	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
B	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
C	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
D	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
E	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
F	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCGTGTTCT										
	1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500	
A	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
B	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
C	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
D	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
E	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
F	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACTTAAGCTAAAATAATTCCTTGTTCATATTCTGAAACTCCCATTTATAACATATGTAACTCCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										

Fig. 9E

1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600	
A	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
B	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
C	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
D	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
E	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
F	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGTTT	TTTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTT	TAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT							
1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670	1680	1690	1700	
A	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
B	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
C	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
D	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
E	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
F	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCT	GTATACCAAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCC	TGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG							
1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	1800	
A	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							
B	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							
C	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							
D	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							
E	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							
F	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGG	CTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACCGGAATA	AGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA							

Fig. 9F

	1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900
A	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
B	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
C	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
D	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
E	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
F	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
	1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000
A	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
B	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
C	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
D	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
E	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
F	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAACCCATAAGGAAGAC								
	2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090	2100
A	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
B	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
C	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
D	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
E	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
F	CATGTATAAAAC	TGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCAATTTTGTGCTCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								

Fig. 9G

2110	2120	2130	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200
A	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
B	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
C	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
D	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
E	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
F	ATGTATACCAAA	CAAGATGTTGT	TAAATCATATATTTT	TATTACAA	CACATAAGTTCT	GCCTCTGCA	TTCCTAGGTTTCAT	CAATTTTGGCTCCTTAGCATG	
2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300
A	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
B	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
C	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
D	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
E	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
F	GCCACTTACAA	ATTTTTTAAC	ATGAGATAAAC	ACATCAGGTG	TCAGAACTTGCT	TGAAGGGAAT	TACCAGAAGTA	ATTTGTGTTTGAGAT	TGGGTGGAAATT
2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370	2380	2390	2400
A	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG
B	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG
C	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG
D	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG
E	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG
F	GGAATTATATT	AGTACCGGTG	GAGATACAA	AGTTCTCTG	ACTGTGTTGGG	AAAGGATAAGT	GCTACCGTTGAGA	AGGGAAGAAAGGCTG	AGTCTAGGTGG

Fig. 9H

	2410	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480	2490	2500
A	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
B	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
C	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
D	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
E	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
F	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
	2510	2520	2530	2540	2550	2560	2570	2580	2590	2600
A	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
B	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
C	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
D	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
E	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
F	TGCTTCACTTCCTATTTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
	2610	2620	2630	2640	2650	2660	2670	2680	2690	2700
A	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
B	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
C	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
D	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
E	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
F	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									

Fig. 9I

	2710	2720	2730	2740	2750	2760	2770	2780	2790	2800	
A	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
B	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
C	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
D	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
E	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
F	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTTAGATAAAATGTGATCTTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
	2810	2820	2830	2840	2850	2860	2870	2880	2890	2900	
A	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
B	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
C	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
D	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
E	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
F	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTTGTTTCTAATATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
	2910	2920	2930	2940	2950	2960	2970	2980	2990	3000	
A	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
B	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
C	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
D	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
E	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
F	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTATTGGCACATATTAATAAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										

Fig. 9J

	3010	3020	3030	3040	3050	3060	3070	3080	3090	3100
A	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
B	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
C	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
D	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
E	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
F	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTGCTAGAAAGCTTAATGTAGGCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT									
	3110	3120	3130	3140	3150	3160	3170	3180	3190	3200
A	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
B	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
C	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
D	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
E	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
F	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA									
	3210	3220	3230	3240	3250	3260	3270	3280	3290	3300
A	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									
B	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									
C	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									
D	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									
E	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									
F	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT									

Fig. 9K

3310		3320		3330		3340		3350		3360		3370		3380		3390		3400	
A	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
B	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
C	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
D	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
E	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
F	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATCACTGTGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTCTCTCGTATATAGCAAAATCTAACTGATGCAATCTCCATCTGGCCCTTC																		
3410		3420		3430		3440		3450		3460		3470		3480		3490		3500	
A	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
B	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
C	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
D	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
E	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
F	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTCGTGTATTGTTTCATCCAGCAACCAGGATGATCTTGTAAACAATTAACAGATTCGTGTCAYKCTTTMAAAAAA																		
3510		3520		3530		3540		3550		3560		3570		3580		3590		3600	
A	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTTGGTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		
B	AAAGCCATG-AAATTTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTT-GTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		
C	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTTGGTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		
D	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTTGGTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		
E	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTTGGTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		
F	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCCACTGAAATTTGAGTTTTTTCACCTTTGGTTTTCTAATATGCTGTGTAATCAGANCAGKTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTT																		

Fig. 9L

	3610	3620	3630	3640	3650	3660	3670	3680	3690	3700									
A	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
B	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
C	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
D	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
E	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
F	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TGTCAC	ATATTG	GCACAT	TTCCTCTATG	TATCTCA	ATGGCA	TTAGAC	ATT					
A	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
B	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
C	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
D	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
E	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
F	AGGAGAA	GCAATTTT	TGTGGAGG	ATTGA	AGTTG	AGATCTT	CATCC	AAGA	GTAGC	TTTCA	ATTTG	STAGA	AGCTTA	ATGTAGG	CAAGCC	ACTTTC	CAATTTT		
A	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA
B	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA
C	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA
D	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA
E	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA
F	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATG	GGAA	TAAAA	ATTTG	TGCA	AGTC	AGAG	AAGG	TGCC	CTTAAAA	ATGTTG	TGCCCC	AAGCC	ACATGAG	ATCAA	AAGA

Fig. 9M

	3910	3920	3930	3940	3950	3960	3970	3980	3990	4000
A	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
B	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
C	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
D	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
E	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
F	CACACTTTTTCATGACCTCAAATGTGGGGCCAGCCCTAGGTCAGCCAAACCCCATCCACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
	4010	4020	4030	4040	4050	4060	4070	4080	4090	
A	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									
B	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									
C	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									
D	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									
E	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									
F	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAATAAAAAAGAGCACCCTGCCCGGGCGGGCGGGCC									

Fig. 9N

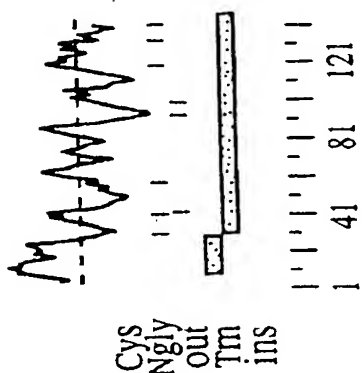


Fig. 10A

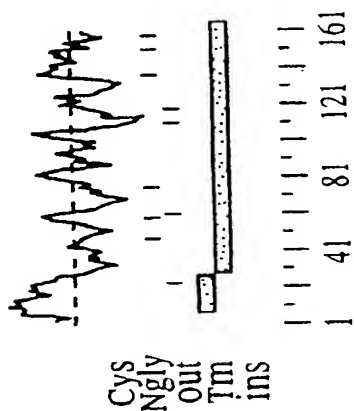


Fig. 10B

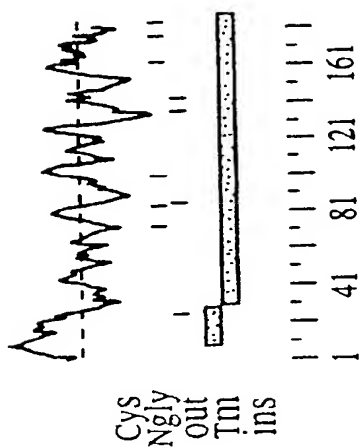


Fig. 10C

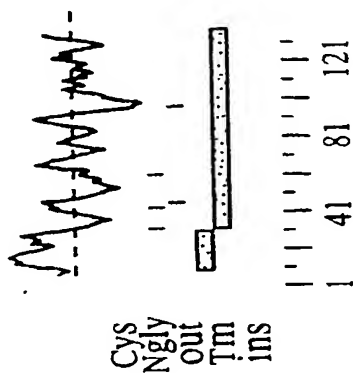


Fig. 10D

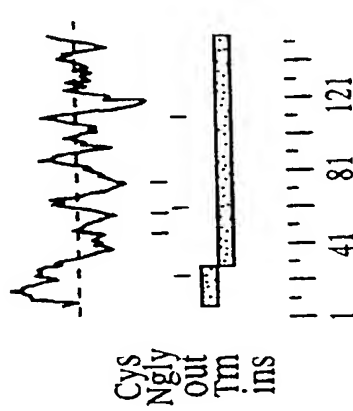


Fig. 10E

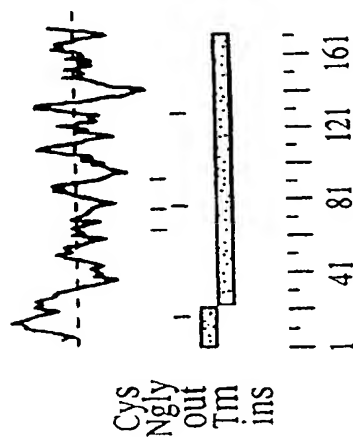


Fig. 10F

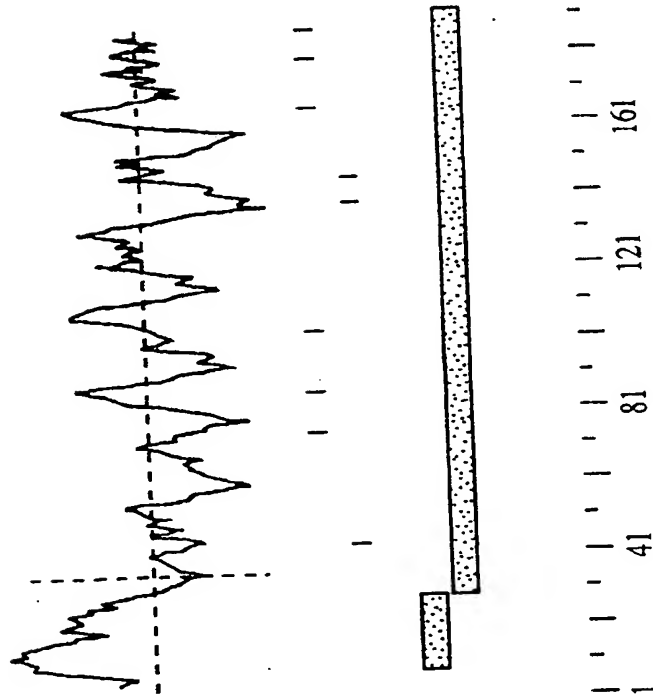


Fig. 12

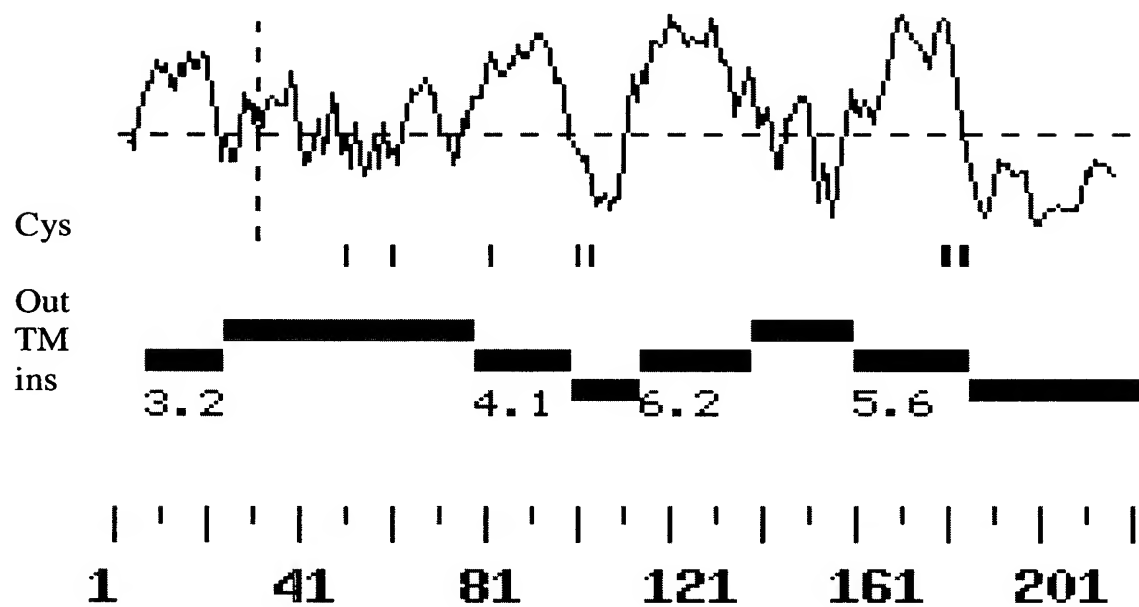


Fig. 13

```
DKFZ G-----GGGCA-----
:
:      :
I309 GCTGTTTCCTGGTGGTTGGAATGGTGGGCACAGTGGCTGTCACTGTCAATGCCCTCAGTGGAGAGTGTCTG
      10      20      30      40      50      60      70

DKFZ -----

I309 GCCTTCATTGAAAAACAACATCGTGGTTTTTGAAAACTTCTGGGAAGGACTGTGGATGAATTGCCGTGAGGC
      80      90      100     110     120     130     140

DKFZ -----

I309 AGGCTAACATCAGGATGCAGTGCAAAAATCTATGATTCCTCTGCTGGCTCTTTCTCCGGACCTACAGGCAGC
      150     160     170     180     190     200     210

DKFZ -----

I309 CAGAGGACTGATGTGTGCTGCTTCCGTGATGTCCCTTCTTGGCTTTTCATGATGGCCATCCTTGGCATGAAA
      220     230     240     250     260     270     280

DKFZ -----

I309 TGCACCAGGTGCACGGGGACAAATGAGAAGGTGAAGGCTCACATTCTGTGACGGCTGGAATCATCTTCA
      290     300     310     320     330     340     350
```

Fig. 14A

DKFZ -----
I309 TCATCACGGGCATGGTGGTGTCTCATCCCTGTGAGCTGGGTTGCCAATGCCATCATCAGAGATTTCATATAA
360 370 380 390 400 410 420
DKFZ -----
I309 CTCAATAGTGAATGTTGCCCAAAACGTGAGCTTGGAGAAAGCTCTCTACTTAGGATGGACCACGGCACTG
430 440 450 460 470 480 490
DKFZ -----
I309 GTGCTGATTGTTGGAGGAGCTCTGTCTCTGCTGCGTTTTTTTGTGCAACGAAAAGAGCAGTAGCTACAGAT
500 510 520 530 540 550 560
DKFZ -----
I309 ACTCGATACCTTCCCATCGCACAAACCCAAAAAGTTATCACACCGGAAAGAAGTCACCGAGCGTCTACTC
570 580 590 600 610 620 630
DKFZ -----
I309 CAGAAGTCAGTATGTGTAGTTGTGTATGTTTTTTTAACTTTACTATAAAGCCCATGCAATGACAAAAATC
640 650 660 670 680 690 700

Fig. 14B

[illegible]

Fig. 14C

```
170      180      190      200      210      220      230
DKFZ ACATAGATGAGTGTAACATTTATATCTCACATAGAGACATGCTTATATGGTTTTATTTAAATGAAATGC
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 ACATAGATGAGTGTAACATTTATATCTCACATAGAGACATGCTTATATGTTTTATTTAAATGAAATGC
      990      1000      1010      1020      1030      1040      1050

      240      250      260      270      280      290      300
DKFZ CAGTCCATTACACTGAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTTTCAGGGAAATCATGGATAGGGTTGAAGAA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 CAGTCCATTACACTGAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTTTCAGGGAAATCATGGATAGGGTTGAAGAA
      1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120

      310      320      330      340      350      360      370
DKFZ GGTTACTATTAAATTGTTTTTAAAAACAGCTTAGGGATTAATGTCCTCCATTATAATGAAGATTAAAAATGA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 GGTTACTATTAAATTGTTT-AAAAACAGCTTAGGGATTAATGTCCTCCATTATAATGAAGATTAAAAATGA
      1130      1140      1150      1160      1170      1180

      380      390      400      410      420      430      440
DKFZ AGGCTTTAATCAGCATTTGTAAAGGAAATTGAATGGCTTTCTGATATGCTGTTTTTAGCCTAGGAGTTAG
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 AGGCTTTAATCAGCATTTGTAAAGGAAATTGAATGGCTTTCTGATATGCTGTTTTTAGCCTAGGAGTTAG
      1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
```

Fig. 14D

Replacement Sheet 60 of 213

Fig. 14E


```
1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070
DKFZ AGCTTAAATGAATGTGTTCTATTGCTTTTATACATTTTATATAAATTGTACATTTTTCCTCAAAAAAAA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 AGCTTAAATGAATGTGTTCTATTGCTTTTATACATTTTATATAAATTGTACATTTTTCCTCAAAAAAAA
1820      1830      1840      1850      1860      1870      1880

1080      1090
DKFZ AAAAAAAAAA-----
      ::::::::::::::
I309 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
1890      1900
```

Fig. 14G

[illegible]

Fig. 15A

Fig. 15B

```

540      550      560      570      580      590      600
I309 TTGCAACGAAAGAGCAGTAGCTACAGATACTCGATACCTTCCCATCGCACAAACCCAAAAAGTTATCAC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CLAUD8 TTGTACTGAAAGGAGCAACAGTTACAGGTACTCGGTACCATCCCATCGCACCACTCAACGGAGTTTCCAC
    570      580      590      600      610      620      630
    610      620      630      640      650      660      670
I309 ACCGGAAGAAAGTCACCGAGCGTCTACTCCAGAAAGTCAGTATGTGTAGTTGTGTATGTTTTTTAACTTT
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CLAUD8 GCCGAAAGAGATCTCCGAGCATATATACTCCAAAAGTCAGTATGTGTAG-----
    640      650      660      670
    680      690      700      710      720      730      740
I309 ACTATAAGCCATGCAAAATGACAAAAATCTATATTACTTTCTCAAATGGACCCCAAGAAACTTTGATT
CLAUD8 -----
    750      760      770      780      790      800      810
I309 TACTGTTCTTAAC TGCCCTAATCTTAATTACAGGAAGTGTGCATCAGCTATTTATGATTCCTATAAGCTATT
CLAUD8 -----
```

Fig. 15C

```

      820      830      840      850      860      870      880
I309 TCAGCAGAATGAGATATTAAACCCCAATGCTTTGATTGTTCTAGAAAGTATAGTAATTGTGTTTCTAAGGT
CLAUD8 -----

      890      900      910      920      930      940      950
I309 GGTCAAGCATCTACTCTTTTATCATTTACTTCAAAATGACATTGCTAAAGACTGCATTATTTTACTAC
CLAUD8 -----

      960      970      980      990      1000      1010      1020
I309 TGTAATTTCTCCACGACATAGCATTTATGTACATAGATGAGTGAACATTTATATCTCACATAGAGACATG
CLAUD8 -----

     1030     1040     1050     1060     1070     1080     1090
I309 CTTATATGGTTTATTAAATGAAATGCCAGTCCATTACACTGAAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTT
CLAUD8 -----

     1100     1110     1120     1130     1140     1150     1160
I309 TCAGGGAATCATGGATAGGGTTGAAGAAGGTTACTATTAAATGTTTAAAAACAGCTTAGGGATTAATGT
CLAUD8 -----
```

Fig. 15D

1450 1460 1470 1480 1490 1500 1510
I309 AATATTTTGTGTTTGTATTTGAAGAAGAAATGATGCATTTTGACAAGAAATCATATATGTATGGATATAT
CLAUD8 -----
1520 1530 1540 1550 1560 1570 1580
I309 TTTAATAAGTATTTGAGTACAGACTTTGAGGTTTCATCAATATAAAAGAGCAGAAAAATATGTCTT
CLAUD8 -----
1590 1600 1610 1620 1630 1640 1650
I309 GGTTCATTTTGCTTACCACAAAAACAACAAGTTGTCCCTTTGAGAACTTCACCTGCTCCTAT
CLAUD8 -----
1660 1670 1680 1690 1700 1710 1720
I309 GTGGGTACCTGAGTCAAAAATTGTCATTTTGTGTTCTGTGAAAAATAAAATTCCTTCTTGTAACCATTTCTGT
CLAUD8 -----
1730 1740 1750 1760 1770 1780 1790
I309 TTAGTTTTACTAAAAATCTGTAAATACTGTATTTTCTGTTTATTCCAAATTGATGAAACTGACAAATCCA
CLAUD8 -----

Fig. 15F

1800 1810 1820 1830 1840 1850 1860
I309 ATTGAAAGTTTGTCGACGCTCTGTCTAGCTTAAATGAATGTGTTCTATTTTGCTTTTATACATTTATATT

CLAUD8 -----

I309 AATAAATTGTACATTTTCTAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAA

CLAUD8 -----

Fig. 15G

I309LFLGGVGMVGTVAVTMPQWRVSAFIENNIVVFENFW EGL 40
hCPE MASMGLQVMGIALAVLGWLAVMLCCALPMWRVTAFIGSNIVTSQTIW EGL 50
mCPE MASMGLQVLGISLAVLGWLGIIISCALPMWRVTAFIGSNIVTAQTSW EGL 50
rRPV .MSMSLEITGTSLAVLGWLCTIVCCALPMWRVSFAFIGSSIIITAQITW EGL 49

I309 WMNCVRQANIRMQCKIYDSLALSPDLQAARGLMCAASVMSFLAFMMAIL 90
hCPE WMNCVVQSTGQMCKVYDSLALPQDLQAARALV IISIIVAALGVLLSVV 100
mCPE WMNCVVQSTGQMCKMYDSLALPQDLQAARALMVISIIVGALGMLLSVV 100
rRPV WMNCV.QSTGQMCKMYDSLALPQDLQAARALIVVSILLAAFGLLVALV 98

I309 GMKCTRCTGDNEKVKAHILLTAGIIFIITGMVVLIIPVSWVANAIIRDFYN 140
hCPE GGKCTNCLED.ESAKAKTMIVAGVVFLLAGLMVIVPVSWTAHNI IQDFYN 149
mCPE GGKCTNCMED.ETVKAKIMITAGAVFIVASMLIMVPVSWTAHNVIRDFYN 149
rRPV GAQCTNCVQD.ETAKAKITIVAGVFLFLAAVLTLPVPSWSANTIIRDFYN 147

I309 SIVNVAQKRELGEALYLGWTTALVLIVGGALFCCVFCCKNEKSSSYRYSIP 190
hCPE PLVASGQKREMGASLYVGWAAAGLLLLGGGLLCC.NCPRRTDKPYS AKYS 198
mCPE PMVASGQKREMGASLYVGWAAAGLLLLGGGLLCCSCPPRSDNDKPYS AKYS 199
rRPV PLVPEAQKREMG TGLYVGWAAALQLLGGALLCCSCPPREKYAPT KILYS 197

I309 SHRTTQKSYHTGKKSPSVYSRSQYV 215
hCPE AARSAAAASNYV..... 209
mCPE AARSVPASNYV..... 210
rRPV APRSTGPGTGTAYDRKTTSERPGARTPHHHHYQPSMYPTRPACSLASET 248

Fig. 17

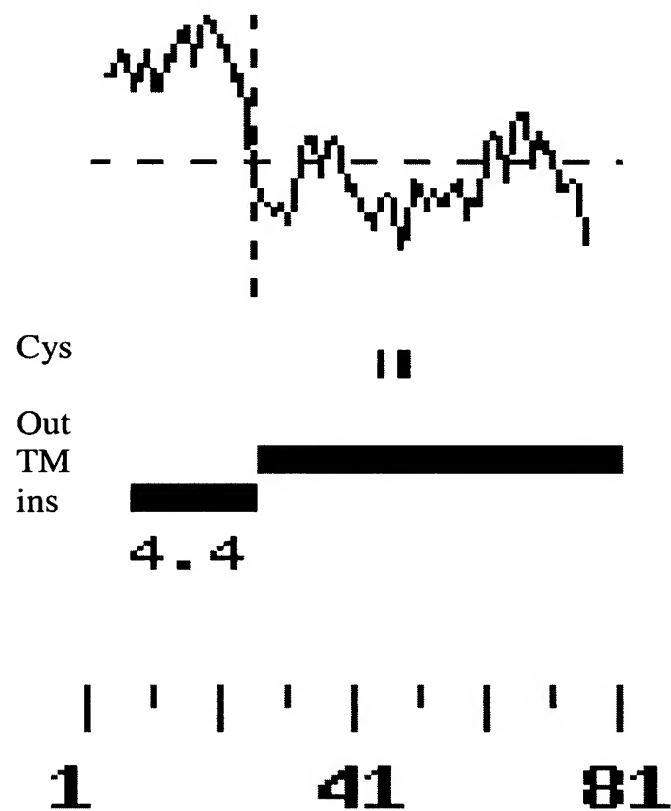


Fig. 18

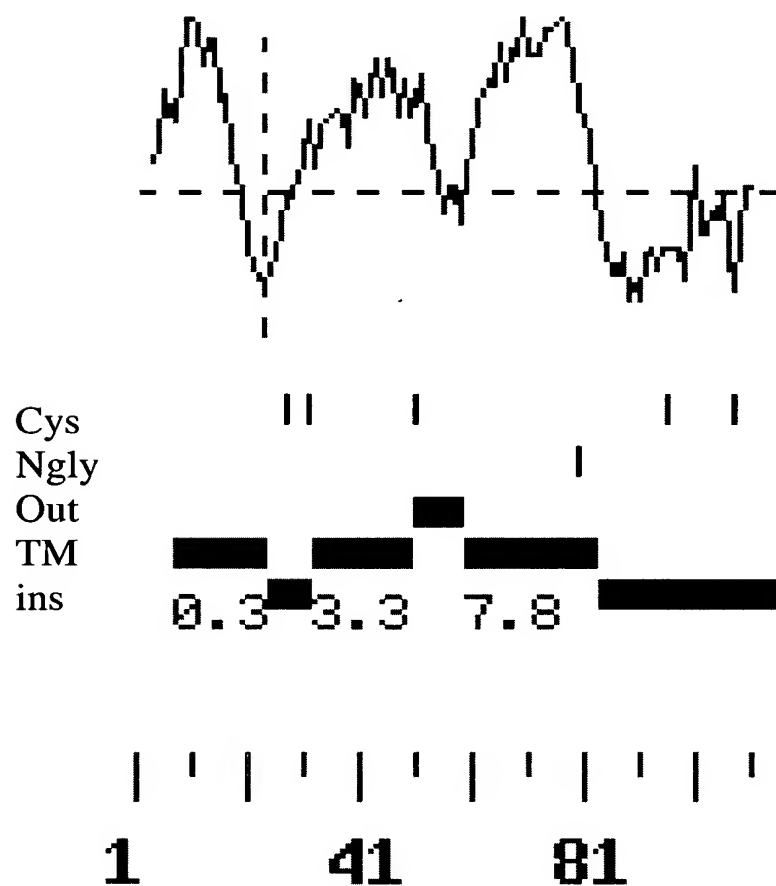


Fig. 19

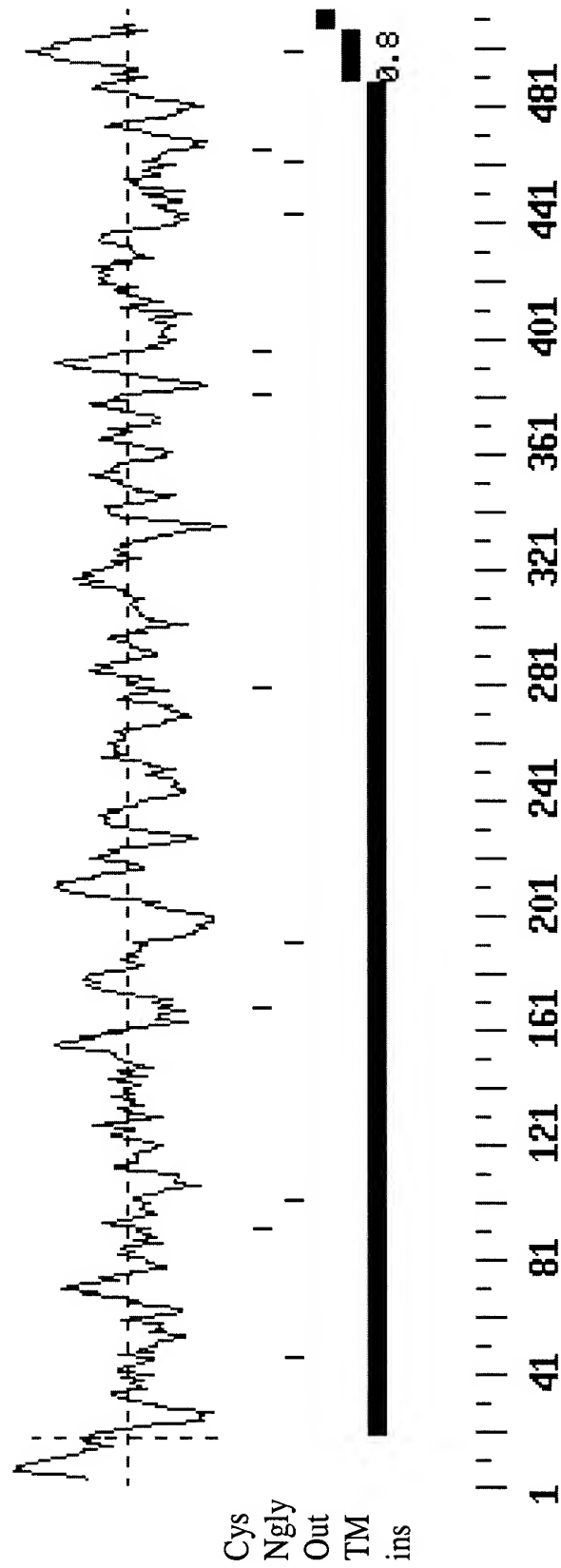


Fig. 20

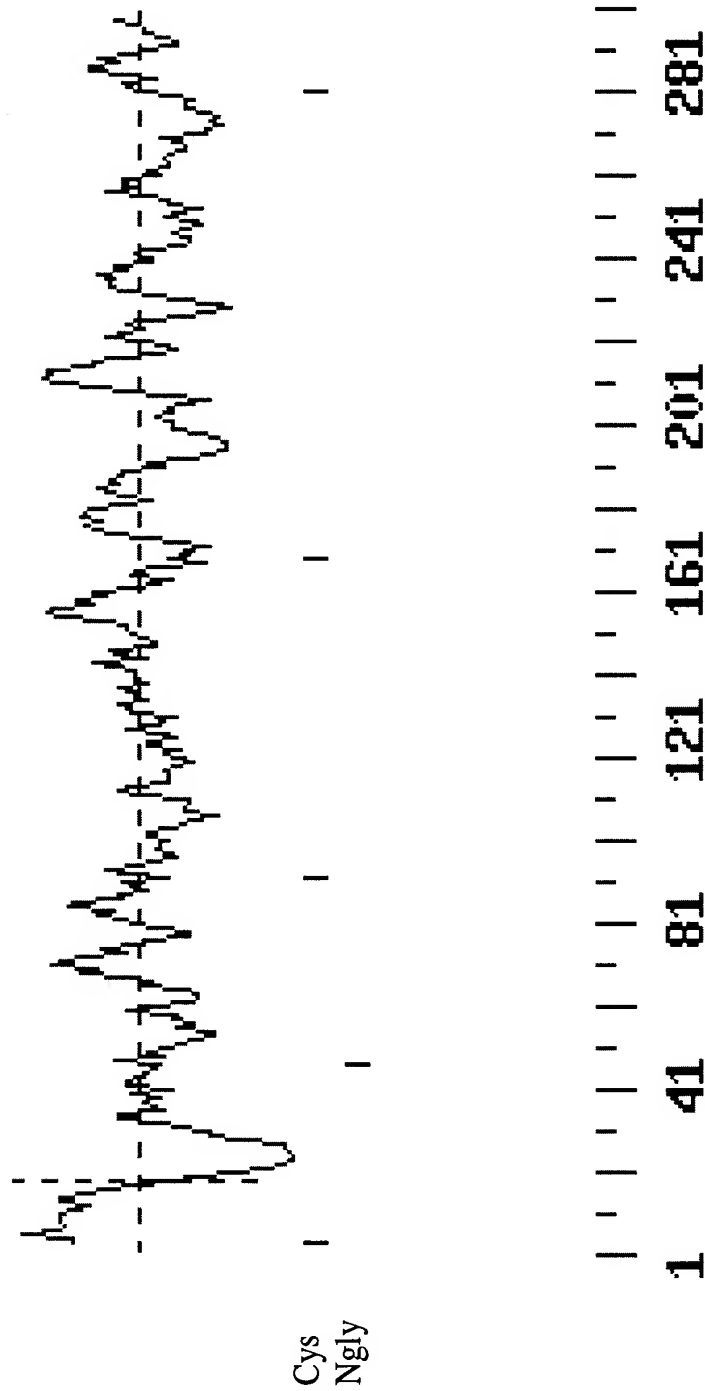


Fig. 21

human	10	20	30	40	50	60
	MKRLLLFLFFITFSSAFPLVRMTENEENMQLAQAYLNQFYSLEIEGNHLVQSKNRS	LIDDKI				
murine	10	20	30	40	50	60
	MKCLLSLMVNFITLSAAFPDPDRKDKNEENNQLAQAYLNQFYSLEIEGSHFVQSKNRS	SLFDGKL				
human	70	80	90	100	110	120
	REMQAFFGLTVTGKLDSENTLEIMKTPRCGVDPDVGGYGYTLPGWRKYNLTYRI	INYTPDMARAAVDEAIQE				
murine	70	80	90	100	110	120
	REMQAFFGLTVTGKLDSDTLAIMKVPRCGVPDVGGYGYTLPGWRKYSLTYRIMNYTPDM	TPADVDVDEAIQK				
human	140	150	160	170	180	190
	GLEVWSKVTPPLKFTKISKGIADIMIAFRTRVHGRCPRYFDGPLGLGHAFPPG	PLGGDTHFDEDENW-T				
murine	140	150	160	170	180	190
	ALQVWSKVTPPLTFTRISKGVADIMIAFRGTGVHGWCPRHFDGPLGLGHAFPPG	PLGGDTHFDEDETWIA				
human	210	220	230	240	250	260
	KDGAGENLFLVAAHEFGHALGLSHSNDQTALMFPNVVSLDPRKYPLSQDDINGIQ	SIYGGLPKVPKPKPE				
murine	210	220	230	240	250	260
	KDGEENLFLVAAHEFGHSLGLSHSNDQTALMFPNYSIDPSKYPLSQDDIDG	IQSIYGSPPKVTTKPSG				

Fig. 22A

human	PTIPHACDPDLTFFDAITTTFRREVMFFKGRHLWRIYYDITDVEFELIASFWPSLPADLQAAAYENPRDKILV	280	290	300	310	320	330	340
murine	NSEPHACDPDLTFFDAITTTFRREVMFFKGRHLWRIYYDITDVEFELIASFWPSLPADLQAAAYENPRDKILV	280	290	300	310	320	330	340
human	FKDENFWMIRGYAVLPDYPKSIHTLGFPGRVKKIDAAVCDKTTRKTYFFVGIWCWRFDEMTQTMDKGFPPQ	350	360	370	380	390	400	410
murine	FKDENFWVIRGYSVLPGYPKSIHTLGFPPRRVKKIDAAVCDHDTTRKTYFFVGIWCWRYDEMAQAAMDRGFPPQ	350	360	370	380	390	400	410
human	RVVKHFPGISIRVDAAAFQYKGFFFSRGSKQFEYNIKTNI TRIMRTNTWFQCKEKPKNSSFGFDINKEKA	420	430	440	450	460	470	480
murine	RIIKCFPGIRLVRDQVAVFQHNGLYFFHGSRQFEYDMKAKNITQVIKTNSWFLCNEPLNASFNVSV-KGKA	420	430	440	450	460	470	480
human	HSGGIKILYHKSLSLFIFGIVHLLKNTSIYQ	490	500	510				
murine	NSIGTVILHHKRLSLLTFSIVHVLTKTYN	490	500	510				

Fig. 22B

```
human  CGGACGGGTGGCGGACGGGTGGGAGCTGAAGAAAGAGAGGAATGAAGCGCTTCTGCTTCTGTTT 10 20 30 40 50 60 70
murine -----GCTTT-----AACTGAAGA--GACAGGAATGAAGTGCCCTTCTGCTCTGATGGT 10 20 30 40

human  GTTCTTTATAACATTTTCTTCTGCAATTTCCCTTAGTCCGGATGACGGAAAAATGAAGAAAAATATGCAACTG 80 90 100 110 120 130 140
murine  .. ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: 50 60 70 80 90 100 110
TAATTTTATAACACTTTCCGCTGCAATTTCCCTCCAGACAGGAAGGACAAAAATGAGGAGAAACAACCAACTG

human  GCTCAGGCATATCTCAACCAGTTCTACTCTCTTGAAATAGAAGGGAATCATCTTGTTCAAAGCAAGAATA 150 160 170 180 190 200 210
murine :: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :
GCCCAGGCATATCTCAACCAGTTCTACTCTCTTGAAATAGAAGGGAATCATTTTGTCCAAAGCAAGAACA 120 130 140 150 160 170 180

human  GGAGTCTCATAGATGACAAAAATTTCGGGAAATGCAAGCATTTTTTGGATTGACAGTGACTGGAAAAACTGGA 220 230 240 250 260 270 280
murine ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :
GGAGTCTCTTTTGATGGAAAAACTTCGGGAAATGCAGGCATTTTTCGGATTGACAGTGACTGGAAAAACTGGA 190 200 210 220 230 240 250
```

Fig. 23A

Fig. 23C

human	840	850	860	870	880	890	900
	AGGTACCTGCTAAGCCAAAGGAACCCACTATACCCCATGCCTGTGACCCCTGACTTGTACTTTTGACGCTAT						
murine	820	830	840	850	860	870	880
	AGGTAACCAACCAAGCCAAGTGGAATTTCTGAACCCACGCTGTGACCCACCTTGTACTTTTGATGCTAT						
human	910	920	930	940			
	CACAACTTTCCGCAGAGAAAGTAATGTTCTTTTAAAGGCAGG-----						
murine	890	900	910	920	930	940	950
	CACTACTTTCCGCAGGGAAGTTATGTTCTTTTAAAGGCAGGTAAACCTATTCCCTTGACACTCCAGCTTCT						
human	-----						
murine	960	970	980	990	1000	1010	1020
	TATAAAGATGTTTTTTTTTTTCAAAAGGATCTCCGGATAAACAGTCTTCTACTCAGCTAGAAAGCCAGTTG						
human	-----						
murine	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090
	CTGAGCATGTACCAGTACATCAGCAAGAGATTCTTCTCAAGAAACAATGTAGAAAAACAATCAAAAGAAAA						

Fig. 23D

[illegible]

Fig. 23E

Fig. 23F


```

1670
human  TAACAACAA-----
      :.:.:.:.:
murine TAGCATCAAGTTCTTACTCCTACTATATATCAGCTGGGTAACCAATAACCAAGTTAAAGTATCTGATTCCTT
      2220  2230  2240  2250  2260  2270  2280

-----
human  -----
murine CTAACAGTGAAAGTTTAAATATGACAAAAATCTCTCACTTATTTTGAGTCTAAATTAATGATTTGCAAACT
      2290  2300  2310  2320  2330  2340  2350

-----
human  -----
murine TGGAAAAATTAAAGCATGTCTTAAAAAATAAACATTAAGACAAATTTCTTAATCCAAAAAATAAAAAAAA
      2360  2370  2380  2390  2400  2410  2420

1680
human  -----AAATAAAAAA
      :.:.:.:.:
murine AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
      2430  2440  2450  2460
```

Fig. 23I

Fig. 24A

280	290	300	310	320	330
210	TGTGGGGTGCCCTGA-TGTGG-GCCAGTATGGCTACACCC----	TCCCTGGGTGGAGAAAAATACAACCTCA			
MMP-8					
280	290	300	310	320	330
210	CCTACAGAAATAA	AACTATACTCCGGATATG	GCACGAGCTGCTGTGATGAGGCTAT	CCAAGAAGGTTT	
MMP-8					
350	360	370	380	390	400
210	AGAAGTGTGGAGCAAAGTCACTCCACTCACTAA	AAATTCACCCAAGATTTCAAAGGGGATTC	CAGACATCATGATT		
MMP-8					
420	430	440	450	460	470
210	GAAAGTGTGGAGTGTGTCATCACCTCTCATCTT	CACCAAGGATCTCACAGGGAGGCAGATAT	CAACATT		
MMP-8					
480	490	500	510	520	530
210	GCCTTTAGGACTCGAGTCCATGGTCGGTGTCC	TCGCTATTTTGATGGTCCCTTGGGAGTGC	TGGCCATG		
MMP-8					
490	500	510	520	530	540
210	GCTTTTACCAAAGAGATCACGGTGACAAT	TCTC-CA--TTTGATGGACCCAATGGAAT	CCCTTGCTCATG		

Fig. 25B

Fig. 25C

830	840	850	860	870	880	890
210	ACCCCATGCCCTGTGACCCCTGACTTTTGACGCTATCACAACCTTCCGCAGAGAGTAATGTTCTTTT					
MMP-8	ACCCAAACCCCTGTGACCCCGAGTTTGACATTTGATGCTATCACCACACTCCGTGGAGAAATACTTTTCTTTT					
830	840	850	860	870	880	890
900	910	920	930	940	950	960
210	AAAGGCAGGCACCTATGGAGGAT-CTATTATGATATCACGGATGTTGAGTTTGAATTAAATGCTTCATTC					
MMP-8	AAAGACAGGTACTTCTGGAGAAAGGCATCCTCAGCTACAAGA-GTCGAAATGAATTTTATTTCTCTCATTC					
900	910	920	930	940	950	960
970	980	990	1000	1010	1020	1030
210	TGGCCATCTCTGCCAGCTGATCTGCAAGCTGCATACGAGAAACCC--CAGAGATAAGATTCTGGTTT					
MMP-8	TGGCCATCCCCTTCCAACTGGTATACAGGCTGCTTATGAAGATTTTGACAGAGACCTCATTTTCCCTATTTA					
970	980	990	1000	1010	1020	1030
1040	1050	1060	1070	1080	1090	
210	AAGATGAAAACCTTCTGGATGATCAGAGGATATGCTGTCTTGCCAGATTATCCCAAATCCATC-CATACAT					
MMP-8	AAGGCAACCAATACTGGGCTCTGAGTGGCTATGATATTTCTGCAAGGTTATCCCAAGGATATATCAAAC-T					
1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100

Fig. 25D


```
1100      1110      1120      1130      1140      1150      1160
210 TAGGTTTCCAGGACGTGTGAAGAAATAGATGCAGCCGCTGTGTATAAGACCACAAAGAAAACCTACTT
MMP-8 ATGGCTTCCCCAGCAGCGTCCAAAGCAATTGACGCAGC-----TGTTTCTACAGAAGTAAACATACTT
1110      1120      1130      1140      1150      1160

1170      1180      1190      1200      1210      1220      1230
210 CTTTGTGGGCATTTGGTGTGCTGGAGGTTTGATGAAATGACCCAAACCATGGACAAAGGATTCCCGCAGAGA
MMP-8 CTTTGTAAATGACCAATTCTGGAGATATGAT-----AACCAAAGACAATT-----CATGGAGC
1170      1180      1190      1200      1210      1220      1230

1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
210 GTGGTAAACACTTTCCTGGAATCAGTATCCGTGTGATGCTGCTTCCAGTACAAAGGATTCTTCTTTT
MMP-8 CAGGT-----TATCCCAAAGCA-TATC-----AGGTGC--CTTCCAGGAATAGAGAGTAAA-----
1220      1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300

1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370
210 TCAGCCGTGGATCAAAGCAATTGGAATACAAACATTAAGACAAAGAAATATTACCCGGAATCATGAGAACTAA
MMP-8 -----GTTGAT-----GCAGTTT---TCCAGCA-----AGAACATTTTC-----TTC-----
1270      1280      1290      1300
```

Fig. 25E

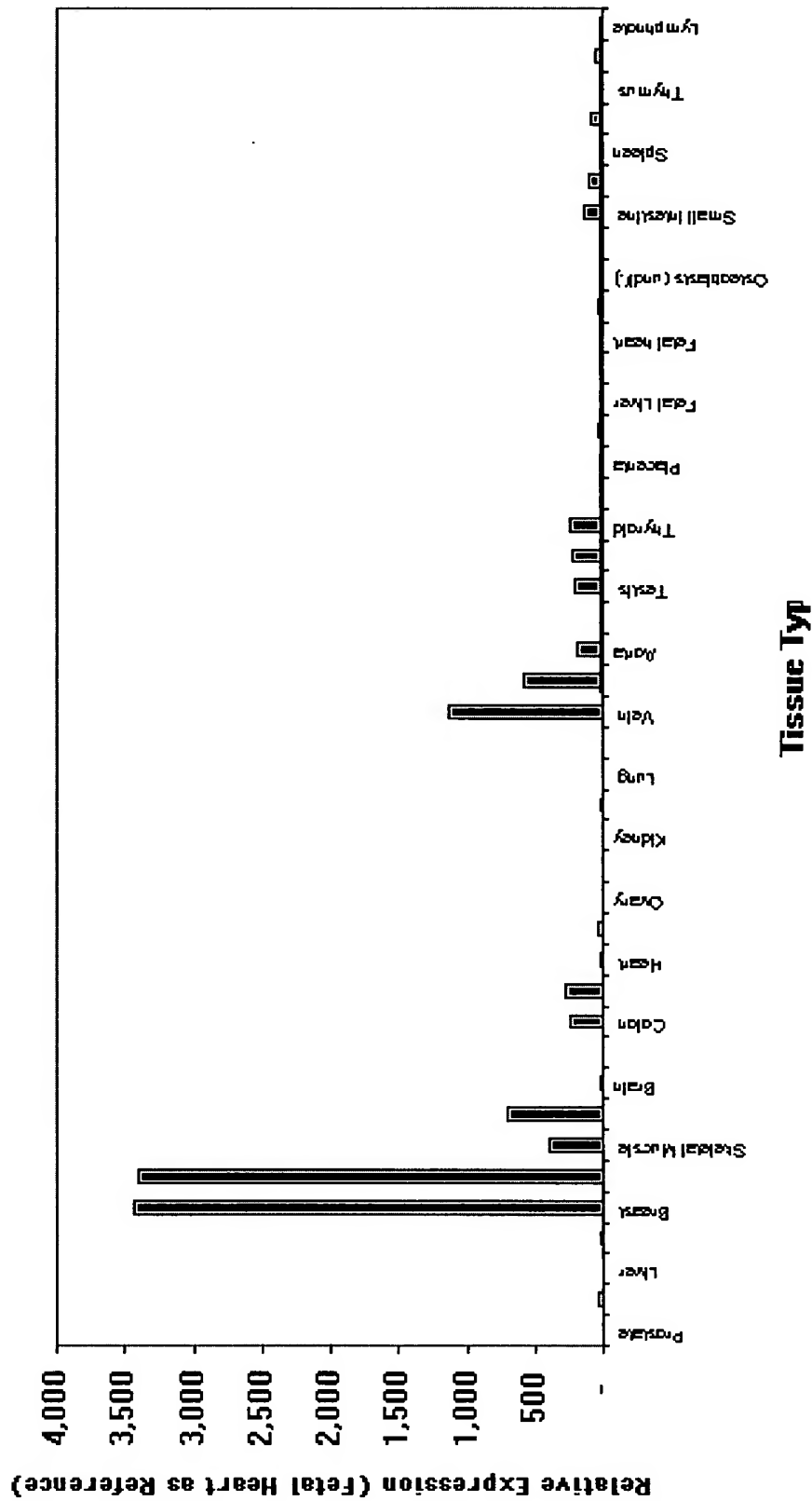


Fig. 26

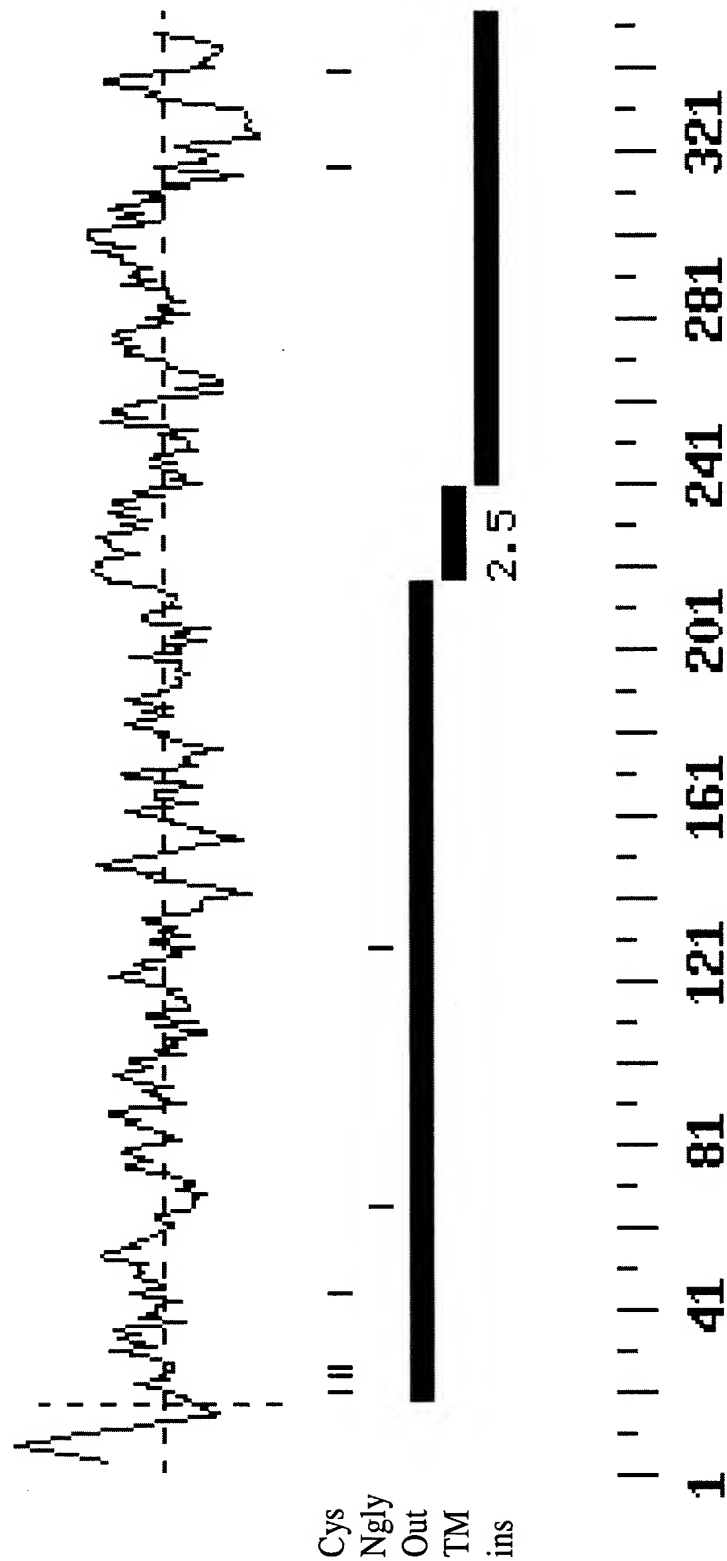


Fig. 27

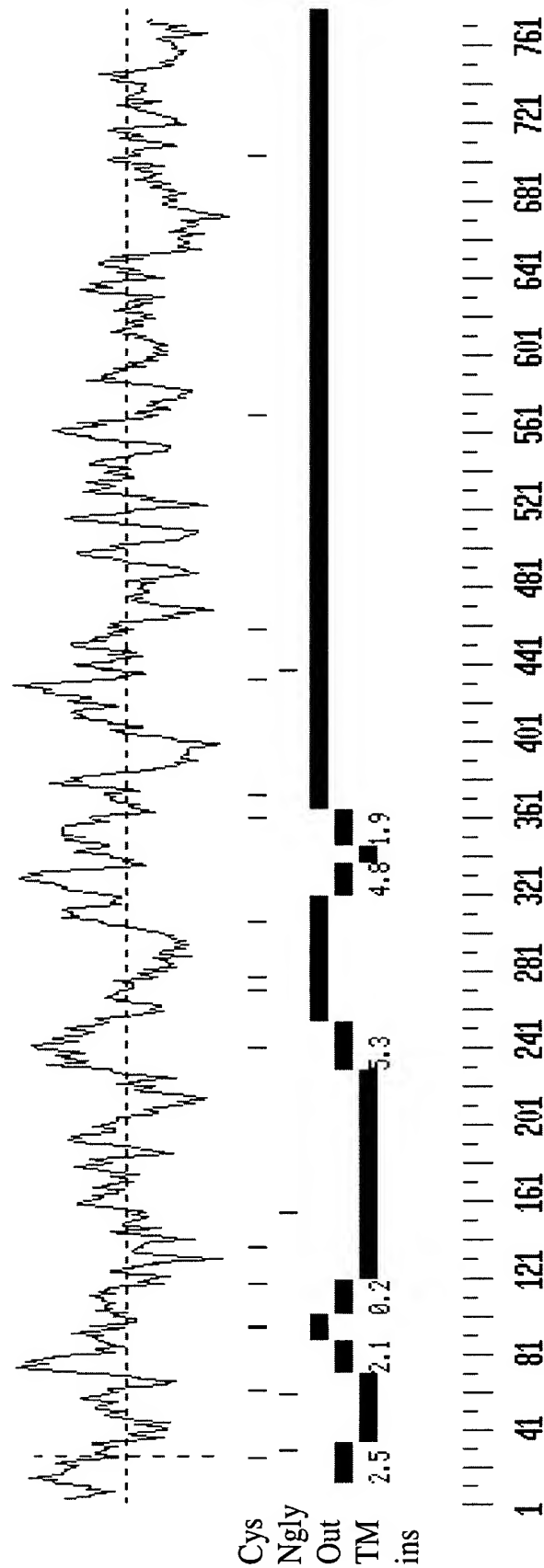


Fig. 28

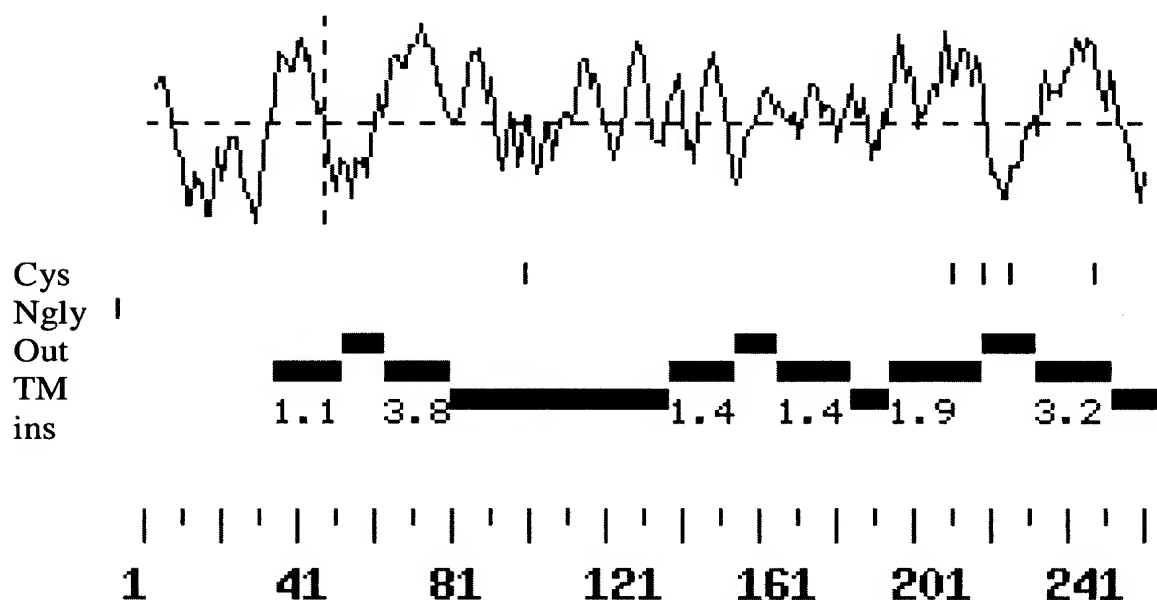


Fig. 29

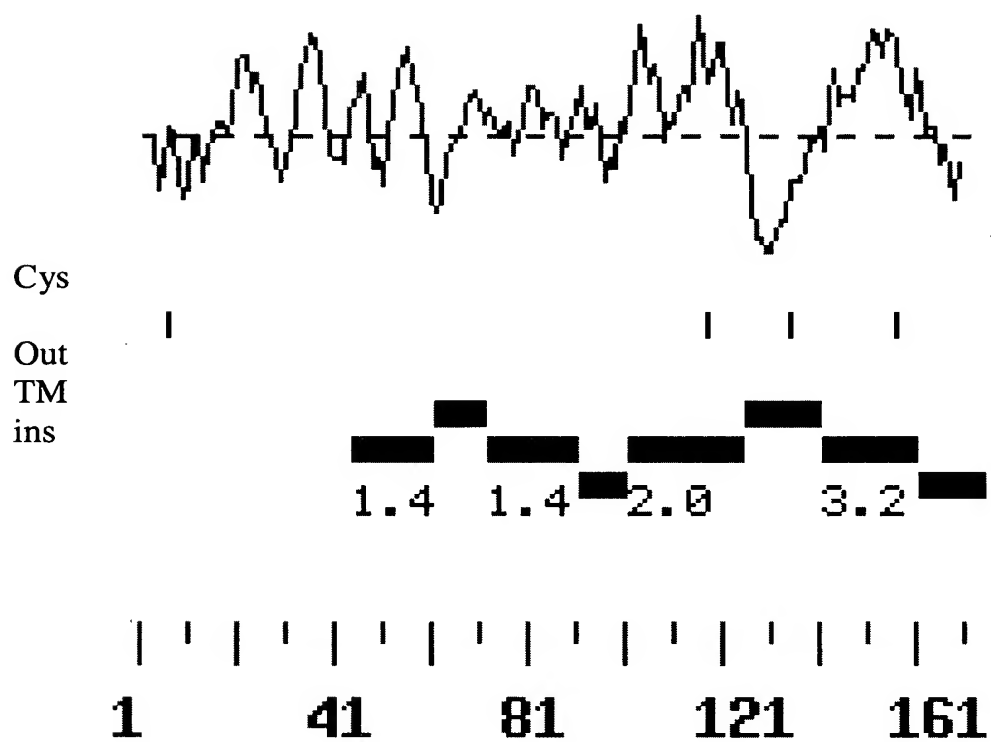


Fig. 30

human	MNMSVLTQLQEYEFKQFNENEAIQWMQENWKKSFLFSALYAAFI	40	50	60	70
murine	-----				
human	AVFSIFGALRTGAYMVYILMTKGLKQSVCDQGFYNGPVS	110	120	130	140
murine	-----				
human	HWYHHITVLLYSWYSYKDMVAGGWFMTMNYGVH	170	180	190	200
murine	-----				
human	VVNYLVFCWMQHD--QCHSHFQNI	230	240	250	260
murine	VINYLVFNWMQHDNDQCYSHFQNI	120	130	140	150

Fig. 31


```

10      20      30      40      50      60      70
human ATGAACATGTCAGTGTGACTTTACAGAATATGAATTCGAAAAAGCAGTTCAACGAGAATGAAGCCATCC
murine -----

80      90      100     110     120     130     140
human AATGGATGCAGGAAAACTGGAAGAAATCTTTCCTGTCTTCTGCTCTGTATGCTGCCCTTATATTCGGTGG
murine -----

150     160     170     180     190     200     210
human TCGGCACCTAATGAATAAACGAGCAAAGTTTGAACTGAGGAAGCCATTAGTGCTCTGGTCTCTGACCCCTT
murine -----

220     230     240     250     260     270     280
human GCAGTCTTCAGTATATTTCGGTGCTCTTCGAACTGGTGCTTATATGGTGTACATTTTGATGACCAAAGGCC
murine -----C
```

Fig. 32A

human	290	300	310	320	330	340	350
	TGAAGCAGTCAGTTTGTGACCAAGGTTT	TACAAATGGACCTGTCAGCAAAT	CTGGGCTTATGCAATTTGT				
	murine	10	20	30	40	50	60
	TGAAGCAGTCAGTTTGTGACCAAGGTTT	TACAAATGGACCTGTCAGCAAAT	CTGGGCTTATGCAATTTGT				
	human	360	370	380	390	400	410
	GCTAAGCAAGCACCCGAACTAGGAGATA	CAATATTCATTAATCTGAGGAAGCAGAA	GCTGATCTTCCCTG				
	murine	80	90	100	110	120	130
	GCTCAGCAAGCACCCGAACTAGGTGAC	ACGATATTCATCATTTCTGAGGAAAC	CAGAACTGATCTTCCCTG				
	human	430	440	450	460	470	480
	CACTGGTATCACCAACATCACTGTGCT	CCTGTACTCTTGGTACTCCTACAAAG	ACATGGTTGCCGGGGGAG				
	murine	150	160	170	180	190	200
	CACTGGTACCAACACATCACTGTGCT	CCTGTACTCCTGGTACTCCTACAAAG	ACATGGTCTGGGGGTG				
	human	500	510	520	530	540	550
	GTTGGTTCATGACTATGAACATATGG	CGGTGCACGCCGTGATGTACTCTTAC	TATGCCCTTGCGGGCGGCAGG				
	murine	220	230	240	250	260	270
	GTTGGTTCATGACTATGAACATATGG	CGGTGCATGCCGTGATGTACTCTTAC	TAGCCCTTGCGGGGTGCGGG				

Fig. 32B

```

570          580          590          600          610          620          630
human  TTTCCGAGTCTCCCCGGAAGTTTGCCATGTTTCATCACCTTGTTCCAGATCACTCAGATGCTGATGGGCTGT
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine TTTCCGAGTCTCCCCGGAAGTTTGCCATGTTTCATCACCTTGTTCCAGATCACTCAGATGCTGATGGGCTGT
      290          300          310          320          330          340          350

640          650          660          670          680          690
human  GTGGTTAACTACCTGGTCTTCTGCTGGATGCAGCATGAC-----CAGTGTCACCTCTCACTTTCAGAAACA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine GTCATTAACTACCTGGTCTTTCAACTGGATGCAGCATGACAACGACCCAGTGCTACTCCCACCTTTCAGAAACA
      360          370          380          390          400          410          420

700          710          720          730          740          750          760
human  TCTTCTGGTCCCTCACTCATGTACCTCAGCTACCTTGCTGCTCTTCTGCCATTCTCTTTGAGGCCCTACAT
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine TCTTCTGGTCCCTCGCTCATGTACCTCAGCTACCTTGCTGCTCTTCTGCCATTCTCTTTGAGGCCCTACAT
      430          440          450          460          470          480          490

770          780          790
human  CGGCAAAATGAGGAAACAAACGAAAGCTGAA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine CGGCAAAAGTGAAGAAAGCCACGAAAGGCTGAG
      500          510          520
```

Fig. 32C


```

10      20      30      40      50      60
I400 ATGAACATGTCAGTGTGACTTTTACAAGAAATATGAATT---CGAAAAGCAGTTCAACGAGAAATGAAGC--
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 ATGGACACATCCATGAATTTCTCACGCGGGTTAAAAATGGACCTGATGCAACCCTATGACTTCGAGACGCT
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100      110      120
I400 --CA--TCCAATGG-----ATGCAGGAAAACTGGAAGAAATCTTTCCT-GTTTTCCTGC-TCTGTATGCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 TTCAGGACTTAAGGCCCTTTTGGAGGAGTACTGGGTAAGCTCATTTCTCATAGTGGTGGTCTCTATCTGTT
      80      90      100      110      120      130      140

      130      140      150      160      170      180      190
I400 GCCTTTATATTCGGTGGTTCGGCACCTA-ATGAATAAACGAGCAAAGTTTGAAC-TGAGAAAGCCATTAGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 GC--TCATCGTTGTTGGCCAG-ACCTACATGAGAACGCGGA-AGAGCTTCAGCTTCAGAGGCGCTCTCAT
      150      160      170      180      190      200

      200      210      220      230      240      250      260
I400 GCTCTGGTCTCTGACCCCTTGACAGTCTTCAGTATATTCGGTGGTCTCTTCGAACTGGTGTCTTATATGGTGATC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 CCTCTGGTCCCTTCTTCCTGGCAATATTCAGTATCCTGGGTACTCTGAGGATGTGGAAGTTTATGGCAACA
      210      220      230      240      250      260      270
```

Fig. 34A

```

270      280      290      300      310      320
I400 ATTTGATGACCAAGGCGCTGAAGCAGTCAGTTG--TGACCAGGGTTTTTACAATGGAC-CTGTCAGCA
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 GTGATGTTTACAGTGGGCGCTCAAGCAAAACCGTGTGCTTTTGCCA--TCTACACGGATGACGCCGTAGTCA
280      290      300      310      320      330      340

330      340      350      360      370      380      390
I400 AATTCTGGGCTTATGCATTTGTGCTAAGCAAAAGCACCCGAACCTAGGAGATACAATATTCATTATCTGAG
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 GATTCGTGTCCTTTCTTCTTCAGCAAGGTTGTTGAACCTGGGAGACACGGCCTTCATCATCCTGCG
350      360      370      380      390      400      410

400      410      420      430      440      450      460
I400 GAAAGCAGAAGCTGATCTTCCCTGCACTGGTATCACCCACATCACTGTGCTCCTGTACTCTTTGGTACTCCTAC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 TAAGCGTCCACTCATCTTTGTCCACTGGTACCACCCACAGCACAGTGTACTGTTCACAAGCTTTGGATAC
420      430      440      450      460      470      480

470      480      490      500      510      520      530
I400 AAAGACATGGTTGCCGG-GGGAGGTTGGTTTCATGACTATGAACATATGGCGTGCACGCCGTGATGACTCT
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CIG30 AAGAACAAGT-GCCTTCGGGTGGCTGGTTTCATGACCATGAACCTTTGGCGTCCCATTTCTGTTCATGTACACT
490      500      510      520      530      540      550
```

Fig. 34B

```
540      550      560      570      580      590      600
I400 TACTATGCCCTTGCGGGCGGCAGGTTTCCGAGTCTCCCGGAAGTTTGCC--ATGTTTCATCACCTTGTTCC--
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TACTACACTATGAAGGCTGCCAAA--CTGAAGCATCCCTAATCTTCTCCCCCATGGTTCATCACCCAG--CCTG
      560      570      580      590      600      610

610      620      630      640      650      660      670
I400 CAGATCACT-CAGATGCTGATGGGCTGTGTGGTTAACTACCTGGTCTTCTGCTGGATGCAGCATGACCAG
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 CAGAT-TCTGCAGATGGTTCTTGGGCACCATCTTTTGGCATACTGAATTACATCTCGAGGCAGGAGAAAGGA
      620      630      640      650      660      670      680

680      690      700      710      720      730      740
I400 TGTCACCTCTCACTTTCAGAAACA--TCTTCTGGTCCCTCACTCATGTACCTCAGCTACCTTGCTGCTCTTCTG
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TGCCACACA-ACAA-CGGAACACTTCTTCTGGTCTTTTATGCTATATGGGACCTATTTTCATCCTTATTCGC
      690      700      710      720      730      740      750

750      760      770      780      790
I400 CCATTCTCTTCTTTGAGGCCCTACATCGG---CAAAATGAGGAAAACAAC-GAAAGCTGAA
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TCACCTTCTCCACCGAGCCTACCTCAGGCCCCAAGGCAAGTTGCATCCCAAGAGCC-AA
      760      770      780      790      800      810
```

Fig. 34C

	10	20	30	40	50	60	70
human	MNMSVLT	LQEF	EKQFN	ENEA	IQWMQ	ENWK	SFLS
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	AVFSI	FGAL	RTGAY	MVYI	LMTK	GLKQ	SVCD
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	HWYHH	ITVLL	YSWY	SYKDM	VAGG	GWFM	TMTN
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	VVNYL	VFCW	MQHD	--Q	CHSH	FQNI	FWSS
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Fig. 35

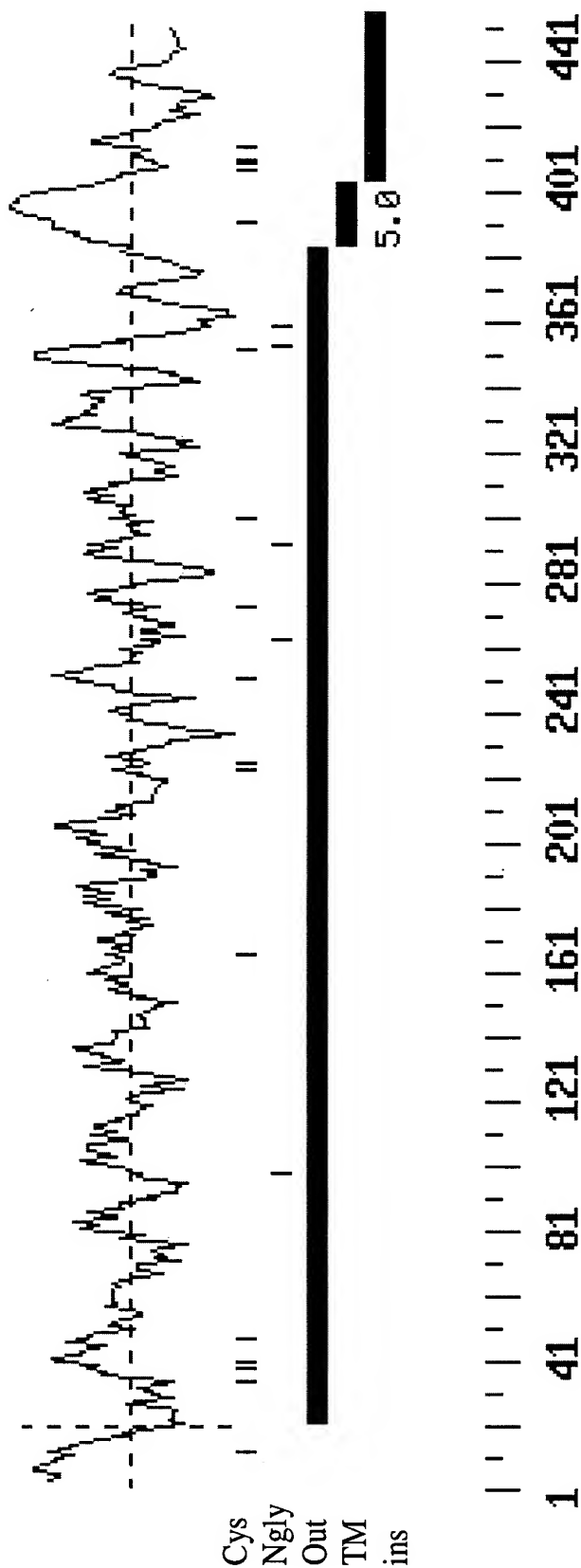


Fig. 36

10	20	30	40	50	60	70				
H	MTWLVL	LTLLCMLRV	GLGTPDSE	GFPPRALH	NCYPKIC	CAADLLSCTGLGLQDVPAELPAATADL	LSH			
	:	:	:	:	:	:	:			
	:	:	:	:	:	:	:			
P	MN-LDI	HCEQLSDAR	WTELLP	LLQQYEV	VRLLDDCGL	TEEHCKDIGS--ALRANPSL	TELCLRTNEL--GD			
10	20	30	40	50	60					
80	90	100	110	120	130					
H	NALQRL	PRGWLAPL	FQLRALH	LDHNE	DALGRGVFNA----	SGLRLDLLSSNTLRALGRHDL-DGLGA-				
	:	:	:	:	:	:	:			
	:	:	:	:	:	:	:			
P	AGVHLV	LQGLQSP	TKIQKLS	LQNC	SLTEAGCGVLP	STLRS	LPTTLRELHLS	DNPLGDAGRL	LCEGL	LDP
70	80	90	100	110	120	130				
140	150	160	170	180	190	200				
H	---	LEKLL	LFNNRLV	HLDEHAFH	GLRALSH	LYLGCNELAS	FSFDHLHGLSATHLL	TLDLSSNRLGHISV		
	:	:	:	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:	:	:	:
P	QCHLEK	LQLEYC	RLTAA	SCEPLASV	LRA	TRAL-----	KELTVSNND--IGEAGARV	LQGQGLAD-----	SA	
140	150	160	170	180	190					
210	220	230	240	250	260					
H	P	ELAALPA	FLKN-GLY	LHNNPL	PCDCR	LYHLLQ	RWHQ	RLSAVRDFA	REYVCLAFKVPASRVR---	FFQH
	:	:	:	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:	:	:	:
P	CQLE	TLR--LE	NCGLTPAN	CKDL	CGIVASQ	ASIREL	DLSNG	LDGSDAGIAEL	CPGLLSPASRLK	TLWLWEC
200	210	220	230	240	250	260				

Fig. 37A

```

270      280      290      300      310      320
H SRVFENCSSA-PALGLKRPEEHLVALVGRSL-----RLYCNTSV-PAMRIAWVSPQQELLRAPGSRDGS I
. . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P DITASGCRDLCRVLQAKETLKL-SLAGNKLGDGARGLLCESLLQPGCQLES LWKSCSLTAACCCQHVS L
270      280      290      300      310      320      330

330      340      350      360      370      380      390
H AVLADGSLAIGNVQEQHAGLFVCLATGPRHLHNQTHEYNVSVHFFRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVL
. . . . . : : : : : : : : : : . . . . . : : : : : . . . . .
P MLTQNKHL-----LELQLSSNKLGDSGIQELCQALSQPGTTLRVLCLGDCEVTNSGCSSLAS--LLLANRS
340      350      360      370      380      390

400      410      420      430      440      450
H LYLFAPPCRRACPLPPLAPNTQPAPRAEPHK-SSVLSTTPPDAPSPQGQASTS-----T
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P LRELDLSNNCVGDPGVLLQLLSLEQPGCALEQLVLYDTYWTVEEEDRLQALEGSKPGLRVIS
400      410      420      430      440      450
```

Fig. 37B

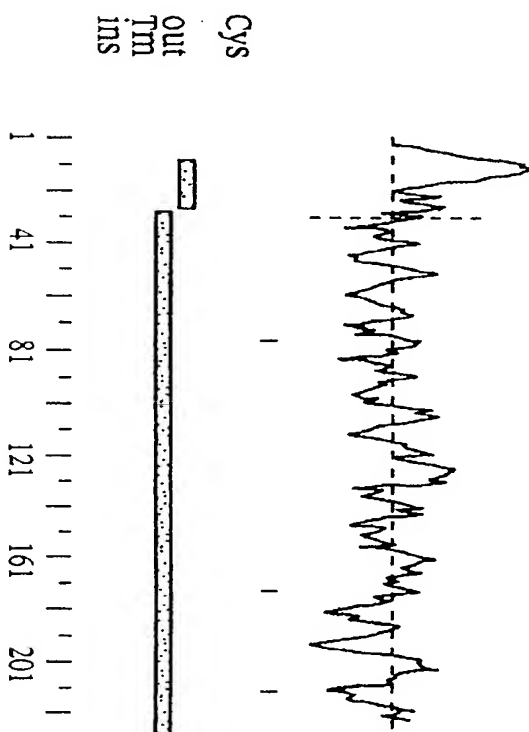


Fig. 38

M 1 PFLFNHLHGLGLTRLRLTDLSSNWLKHISI 30
H 151 HAFHGLRALSHLYLGCNELASFSFDHLHGLSATHLLTDLSSNRLGHISV 200
M 31 PELAALPTYLKNRLYLHNNPLPCDCSLYHLRRWHQRLSALHDFEREYT 80
H 201 PELAALPAFLKNGLYLHNNPLPCDCRLYHLQRWHQRLSAVRDFAREYV 250
M 81 CLVFKVSESRVRFHEHSRVFKNCVAAAPGLELPEEQQLHAQVGQSLRLFC 130
H 251 CLAFKVPASRVRFHQHSRVFENCSSAPALGLKRPEEHLYALVGRSLRLYC 300
M 131 NTSVPATRVAVWSPKNELLVAPASQDGSIAVLADGSLAIGRVQEQHAGVF 180
H 301 NTSVPAMRIA WSPQQELLRAPGSRDGSIAVLADGSLAIGNVQEQHAGLF 350
M 181 VCLASGPRLHHNQTHEYNVSVQKARPEPETFTNTGLLCIVGLVLVLL 230
H 351 VCLATGPRLHHNQTHEYNVSVHFPRPEPEAFNTGFTTLLGCAVGLVLVLL 400
M 231 YLFAPPCRGCCCHCCQACRNRCWPRASSPLQELSA.QSSMLSTTPPDAPS 279
H 401 YLFAPPCR...CCRRACPLPPLA PNTQAPAPRAEPHKSSVLSTTPPDAPS 446
M 280 RKASVHKHVVFLEPGKKGLNGRVQLAVPPDSDL CNP MGLQL 320
H 447 PQGQASTST..... 455

Fig. 39

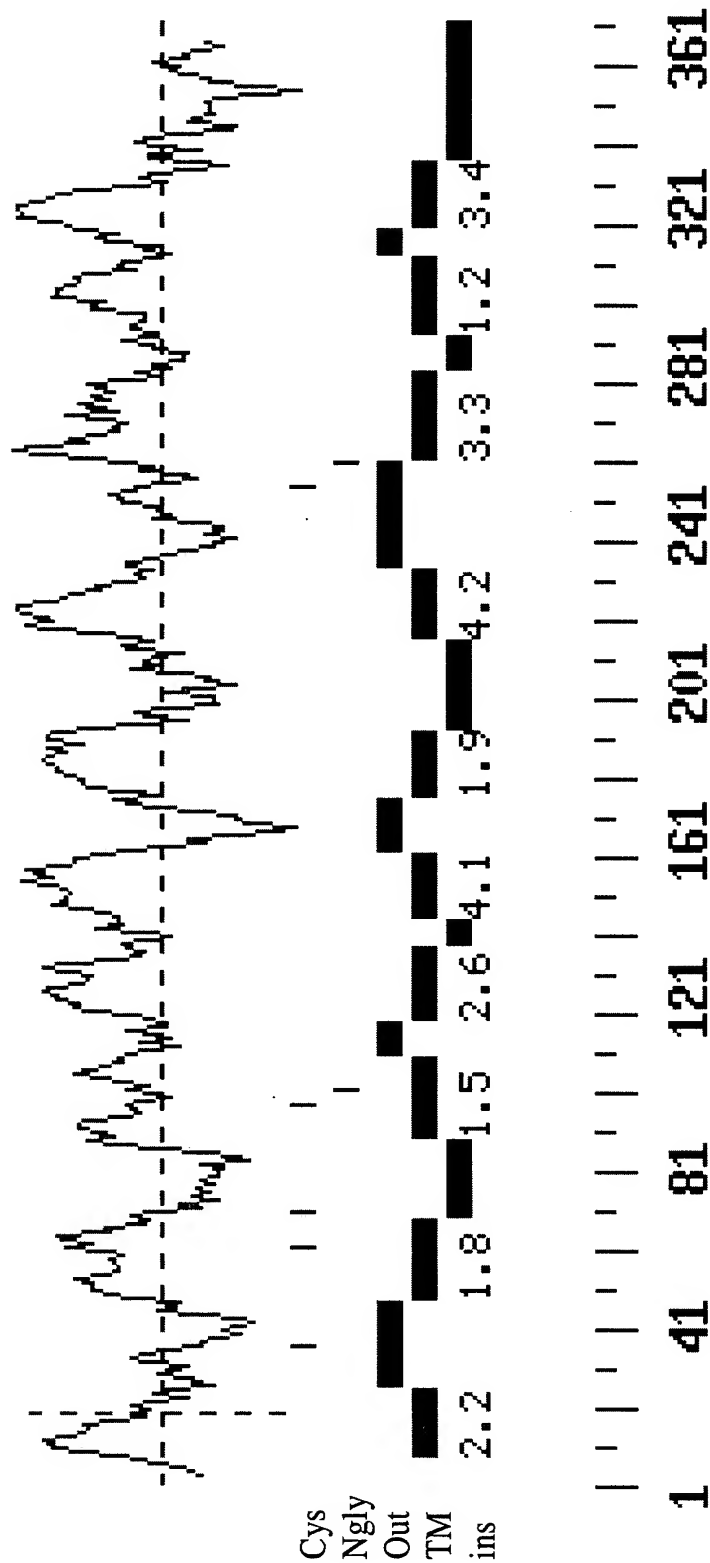


Fig. 40

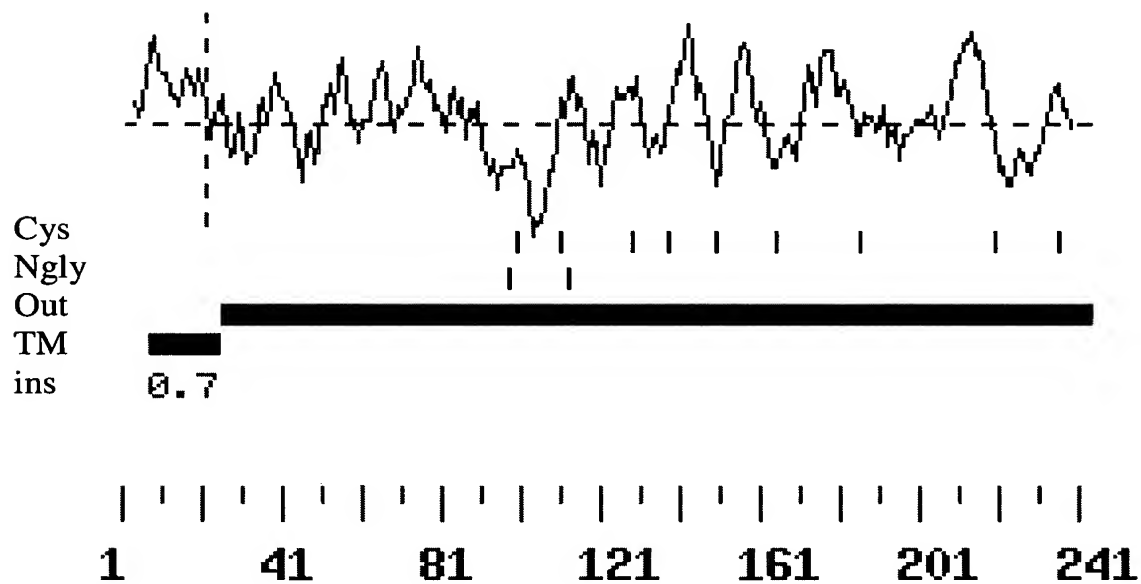


Fig. 41


```

360      370      380      390      400      410      420
M QAQKWARYTDPVSPRPGSCINNWHRDNGYTSSELPDNTLNFIKKHPLMEDQVKPRLGRPLLVKKNTNF
  ::      ::      .      .      .      .      .
H ---WTR-----GCGPQ-----SPAL-----KH-----LLI-----TSL
160
430      440      450      460      470      480      490
M THVADRVPGLDGATYTVLFIGTGDGWLKAVSLGPWIHMVEELQVDFQEPVESLVLSQSKKVLFAGSRS
  .      .      .      .      .      .      .
H S-----VLRTCSPSLW-----SMESLKMGR-----SVPMT
180      190      200
500      510      520      530      540      550      560
M QLVQLSLADCTKYRFCVDCVLARDPYCAWNVNTSRCVATTSGRSGSFLVQHVANLDTSKMCNQYGIKKVR
  ::      .      :      :      :      .      .
H QLRAM-LA-----F-----L-----WMVSCTRPHSTTS-----
210      220
570      580      590      600      610      620      630
M SIPKNITVVSGTDLVLPCHLSSNLAAHAWTFGSQDLPAEQPGSFLYDTGLQALVVMAAQSRHSGPYRCYS
  :
H -----W-----
640      650      660      670      680      690      700
M EEQGTRLAESYLVAVVAGSSVTLEARAPLENLGLVWLAVVALGAVCLVLLLVLSLRRRLREELEKGAK
  ::      .      .      .      .      .
H -----ARNPLS-----CVT-----
230
```

Fig. 42B

710	720	730	740	750	760	770
M	ASERTLVYPLELPKEPASPPFRPGPETDEKLWDPVGYYYSDGSLKIVPGHARCQPGGGPPSPPPGIPGQP					
	:	:	:	:	:	:
H	-----W-----	-----GPTTP-----				
		240				
780	790	800	810	820	830	
M	LPSPTRLHGGGRNSNANGYVRLQLGGEDRGGSGHPLPELADELRRKLQQRQLPDSNPEESSV					
H	-----					

Fig. 42C

```

10      20      30      40      50      60      70
M GGCACGAGGTGGCCGGAGTCAAACGCGAGGCGCAGCGCATGGAGCTGCACGAAAGAGGGCTGCTG
: :      : : :      : : :      : : :      : : :      : : :      : : :
H GTC-----GACC-----CACG-----CGTC-----CGCG-----GGACAGCTG
10
80      90      100     110     120     130     140
M GACTGAAGTTTAGACCCCTGGGTGCTGCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAGGGCT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCCTGAAGCTCAGAGCCGGGCGTGCGCCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAAGGCT
30      40      50      60      70      80      90
150     160     170     180     190     200     210
M GTGGGGCCCTGGGCATCGGGGCTGAGATGTGGTGGAACCTTGTGCCCCCGGAAGACAGTATCTTCTGGGGAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGGGGCCCTGGGCATTTGGGGCTGAGGTGTGGTGGAACCTTGTGCCCCGCGTAAGACAGTGTCTTCTGGGGAG
100     110     120     130     140     150     160
220     230     240     250     260     270     280
M CTGGTCACAGTAGTGAGGCGGTTCTCCAGACAGGCATCCAGGACTTCCCTGACACTGACCCCTGACAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTGGCCACGGTAGTACGGCGGTTCTCCAGACCGGCATCCAGGACTTCCCTGACACTGACGCTGACGGAGC
170     180     190     200     210     220     230
290     300     310     320     330     340     350
M ATTCTGGCCCTTTTATATGTGGGGGCCCCGAGAGGCGCTGTTTGCCCTTCAGTGTAGAGGCTCTGGAGCTGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CCACTGGGCTTCTGTACGTGGGCGCCCCGAGAGGCCCTGTTTGCCCTTCAGCATGGAGGCCCTTGAGAGCTGCA
240     250     260     270     280     290     300
```

Fig. 43A

Replacement Sheet 120 of 213

Fig. 43B

Fig. 43B

Fig. 43C

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
M CAAGCGGATGGGGCGATATGGACCTGTCTGCAGTTTGTGAGTACCAGTTGGAACAGATCCAGCAAGTGT
::      :::::      ::      :      ::::      :      ::::
H CA-----TGGGGC-----CC--C-----ACCA-----C--TCCA-----
770      780

1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
M TTGAGGTTCCCTACAAAGGAGTACAGTGAAGCCAGAACAGTGGCCCGCTATACTGACCCGGTACCCAG
::::      ::      :::::      :::::      ..:::      :.:::      ::      ::
H -TGAAG-----ACA--GAGTAC-----CTGGCC--T--TTTGGCTCAACGAAACCTCACTTTGTA---GG
790      800      810      820      830

1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
M CCCTCGGCCCTGGTTTCGTGTATCAACAACCTGGCACCGAGACAATGGCTACACCAGTTCCCTGGAACGTGCCG
:  ::      :::::      :::::      :::::      :::::      :.:::      ::
H C--TCTGCCCTA-----TGTA-C-----CTGA---GAGT-GTGGGCAGCTTCA---CGGGGGACGAC--
840      850      860      870      880

1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
M GACAACACCCCTCAACTTCATCAAGAAGCACCCCTGTATGGAGGACCAAGTGAAGCCTCGGTTGGCCCGCC
:::::      :  :.:::      :::::      :::::      :::::      :.:::      ::
H GACAAGGTCTACTTCTTCTCAGGGAGC-----GGGC--AGTGGAGTC-CGA-----
890      900      910      920

1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
M CCCTACTTGTGAAGAAGAACACTAACTTCACACACGTTGGTGGCCGACAGGGTCCCAGGGCTTGATGGTGC
:::::      ::      ::      ::      :::::      ::      ::      ::
H --CTGCTA-----TGC--CGAGCAGGTGGTGGC-----TC-----GTGTGGC
930      940      950
```

Fig. 43D

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
M CACCTATACAGTGTGTTTCATTGGTACAGGAGATGGCTGGCTGCTGAAGGCTGTGAGCCTGGGGCCCTGG
: : . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H C--CGTGTCTG-----CAAGGG--C--GATATGGGGGGC-----GCA-----C--GGACCCCTG--
960      970      980      990

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
M ATCCACATGGTGGAGGAACCTGCAGGTGTTTGACCAGGAGCCAGTGGAAGTCTGGTGTCTCAGAGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----CA-----GAGGAA-----GTG-----GACCACGTTCCCTG-----AAGGC-----GCGG-----CTG--GCA
1000      1010      1020      1030

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
M AGAAGGTGCTCTTTGCTGGCTCCCGCTCTCAGCTGCTTCAGCTGTGCTCTGGCCCGACTGCACAAAGTACCCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----TGCTCT-----GC-CCCGAACT-GGCAG-CTCTACT-TCA---ACCAGCTGCA---GG---CG
1040      1050      1060      1070      1080

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
M TTTCTGTAGACTGTGTCCTGGCCAGGACCCTTACTGTGCTGCCCTGGAATGTCAACACCAGCCGCTGTGTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATGC-----ACA---CCCTG--CAGGACACCT-----CCTGGCA---CAACACCACCTTCTTTTGGG
1090      1100      1110      1120      1130

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
M GCCACCACAGTGGTCGCTCGGGGTCCCTTTCTGTGTCCAAACATGTGGCGGAACCTTGGACACTTCAAAGATGT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTTT--TTCAA-----GCACAGTGG-----GGT--GACATGTACCTGTC---GGC-CATCTG---TGA
1140      1150      1160      1170
```

Fig. 43E

```

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
M  GTAACCAAGTATGGCATTAATAAAGTCAGATCTATTCCCAAGAACAATCACCCTTGTTGTCAGGCACAGACCT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GTA-CCAGT-TGG-----AAG--AGATC-----CAGCG--GGTGTGTTGAGG-----
1180      1190      1200      1210
M  GGTCCCTACCCCTGCCACCTCTCGTCCCAATTGGCCCATGCCCACTGGACCTTCGGAAGCCAGGACCTGCCT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  -----GCC-----CCTATAAGGA--GTACC---ATGA-----GGAAGC-----CCA
1220      1230      1240
1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
M  GCAGAACAAACCTGGCTCCCTTTCTTTATGACACGGGACTCCAGGCGCTGGTGGTGATGGCCGCACAGTCCC
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GAAGTGGGACC--GCTAC--ACT---GACCCCTGTAC--CCAGGCCCTGGTTGTGATGGCTGCCCCAGCCCC
1250      1260      1270      1280      1290      1300
1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
M  GTCACCTCTGGACCCCTATCGTTGCTATTTCAGAGGAGCAGGGGACAAAGACTGGCTGCAGAAAGCTACCTTGT
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GCCATGCCGGGGCCTACCACCTGCTTTTCAGAGGAGCAGGGGCGCGGCTGGCTGCTGAAGGCTACCTTGT
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370
2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
M  TGCTGTCTGGCCCGGCTCGTTCGGTGACACTGGAGGCACGGGCTCCCTTTGAAAAACCTGGGGCTCGTGTGG
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGCTGTCTGGCAGGCCCGCTCGGTGACCTTGGAGGCCCGGGCCCCCTGGAAAAACCTGGGGCTGGTGTGG
1380      1390      1400      1410      1420      1430      1440
```

Fig. 43F


```

2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
M  CTCGCTGTGGTGGCCCTGGGGGCTGTGTGCCCTGGTGTCTGCTGCTGCTATCGCTCCGCCGGCGAC
:  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CTGGCGGTGGTGGCCCTGGGGGCTGTGTGCCCTGGTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTCATTTGCCGCCGGCGGC
1450      1460      1470      1480      1490      1500      1510

2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
M  TTCGAGAAAGAGCTAGAAAGGGTGCCCAAGGCATCTGAGAGGACACTGGTGTACCCCTTGGAACCTGCCCAA
:  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  TGCGGGAAGAGCTGGAGAAAGGGGCCAAGGCTACTGAGAGGACCTTGGTGTACCCCTGGAGCTGCCCAA
1520      1530      1540      1550      1560      1570      1580

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
M  GGAGCCTGCCAGTCCCCCTTCCGTCCTGGCCCCGAAACTGATGAGAAACTTTGGGATCCTGTCCGGGTAC
:  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GGAGCCCACCAAGTCCCCCTTCCGGCCCCGTCTCCCTGAACCAGATGAGAAACTTTGGGATCCTGTCCGGTTAC
1590      1600      1610      1620      1630      1640      1650

2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380
M  TACTATTTCGGATGGCTCTCTCAAGATTGTGCCCTGGTCAAGCCCGGTGCCAGCCTGGGGGTGGGCCCCCTT
:  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  TACTATTTCAGATGGCTCCCTTAAGATAGTACCTGGGCATGCCCGGTGCCAGCCCGGTGGGGGCCCCCTT
1660      1670      1680      1690      1700      1710      1720

2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
M  CCCCACCTCCTGGCATACCTGGCCAGCCTCTGCCTTCTCCAACTCCGGCTCCACCTAGGAGGTGGTCCGGAA
:  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CGCCACCTCCAGGCATCCCAGGCCAGCCTCTGCCTTCTCCAACTCCGGCTTCACCTGGGGGGTGGGCCGGAA
1730      1740      1750      1760      1770      1780      1790
```

Fig. 43G


```

2800      2810      2820      2830      2840      2850      2860
M ACTTCAGCCCTCACAGGAGACA-CACCCCTCCTCT--GTGAATTGAGACATGTGGGACCCAGCAGCCCAA
  .. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCACCAGCCCTCGCAGAAAGGCATCTTCCTCCTCTCTGTGAATCACAGACACGCGGACCCAGCCGCCCAA
2140      2150      2160      2170      2180      2190      2200

2870      2880      2890      2900      2910      2920
M ACTTTGCAAGGAAGAGGTTTCAAGATGTGGCGGTGTTTGTGCAT--ATATGTGTGGTATGCATGTGGAA
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTTTCAAGGCAGAAAGTTTCAAGATGTGTGTTGTCTGTATTTGACACATGTGTTTGTGTGTGTGTAT
2210      2220      2230      2240      2250      2260      2270

2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
M GAATGTGTGTGTGTGTGTG---TGTTGTGTAACCTTCCCTGTCTCTATCACGTCCTTCCCTTGGCCTGG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGTGTGTGCACGCGCGTGTGCGGCTTGTGGCATAAGCCTTCCCTGTTCTGTCAAGTCCTTCCCTTGGCCTGG
2280      2290      2300      2310      2320      2330      2340

3000      3010      3020      3030      3040      3050      3060
M GGTCCTCCTGGTTGAGTCCTTGGAGCTATGAAGGGGAAGGGGTCAATAGCACCTTTCCTTCTCCTACCCCC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H G-TCCCTCCTGGT-GAGTCATTGGAGCTATGAAGGGGAAGGGG-TCGTATCACCTTGTCTCTCCTACCCCC
2350      2360      2370      2380      2390      2400      2410

3070      3080      3090      3100      3110      3120      3130
M AGCTGTCCCAAGCTTTGGGGCAGTGATGTACATACGGGGGAAGGAAGGACAGGCTGTGTACCCCTTTTG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H A-CTGCCCCCGAG-TGTCGGGCAGCGATGTACATATGGAGGTGGGGTGGACAGGCTGTGTGCCCCCTTCAG
2420      2430      2440      2450      2460      2470      2480
```

Fig. 43I

```

3140      3150      3160      3170      3180      3190      3200
M GGGAGTGGGGACTCGGGGGTGGGCCCTAGCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGCGGGGGTT
.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.
H AGGAGTGCAGGGCT-TGGGGTGGGCCCTAGTCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGTGGGGGA
2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550

3210      3220      3230      3240      3250      3260      3270
M GGGGTGGAGATGGAACCTCCTGC---TTCAGGGGAGGGGTGGCAGGGCTCCCACTTGCCCTCCGGG
.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.
H GGG-----AGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGGTGGGTGGGGCTCCCACTTGCCCGGGG
2560      2570      2580      2590      2600      2610

3280      3290      3300      3310      3320      3330
M TTCGGTGGTATTTTATATTTCGGCTCTTC-TG-ACAGGGCTGGGAAGGG--TTGTTGGGGAGGGAAGG
.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.
H TTCAGTGGTATTTTATACTTGCCTTCTTCCTGTACAGGGCTGGGAAGGCTGTGTGAGGGGAGAGAAGG
2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680

3340      3350      3360      3370      3380      3390      3400
M AGGAGGTGGGCATGCTATGGATAC TGCCCTATCCTCTCCCTGCTCTGGGAAAAGGGCT---AACAGTGTA
.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.
H AGAGGGTGGGCCCTGCTGTGGACAAATGGCAATCTCTCTCCAGCCCTAGGAGGGCTCCTAACAGTGTA
2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750

3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470
M ACTTATTGTGTCCCCACATATTTATTTGTTGTAAATATTTGAGTATTTTATATATGACAAATAAAATGGA
.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.
H ACTTATTGTGTCCCCCGGTATTTATTTGTTGTAAATATTTGAG-ATTTTATATATGA-----
2760      2770      2780      2790      2800      2810
```

Fig. 43J

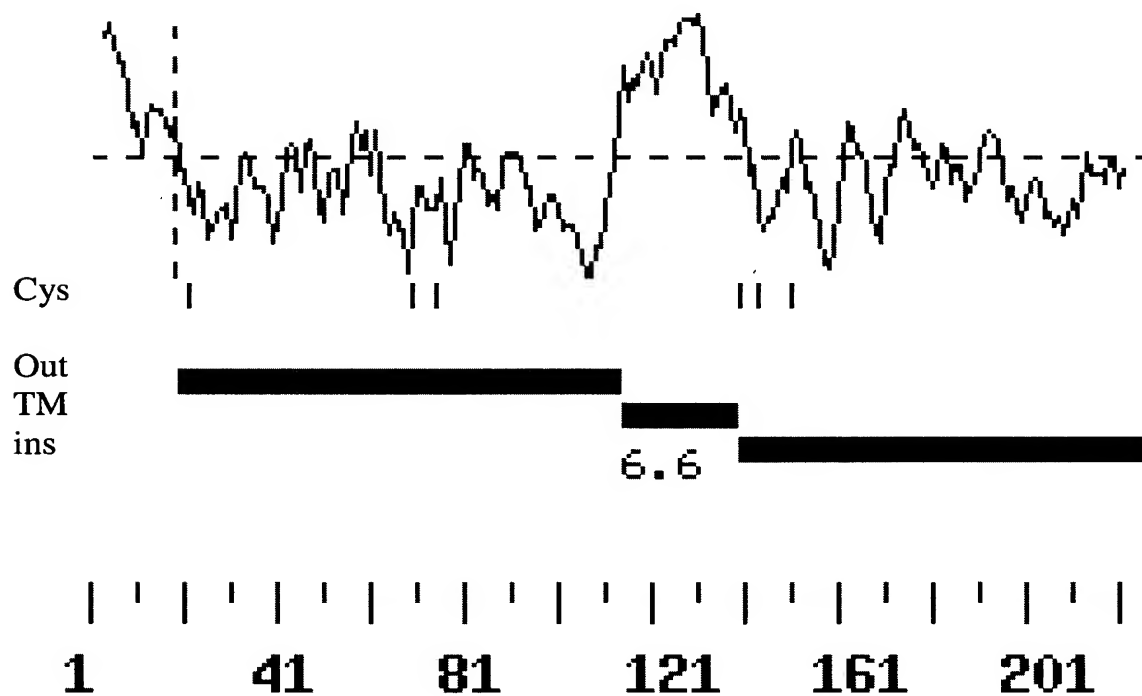


Fig. 44

```
G 1 ATGTTTCTGCTTCTGGTGGTACTCAGCCAGCTGCCCAGACTTACCCCTCGC 50
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 1 ATGTTTACGCTTCTGGTTCCTACTCAGCCAACTGCCCAACAGTTACCCCTGGG 50

G 51 GGTTCCTCAT...ACAAGAAGCCTAAAGAATTCTGAACATGCCCCAGAAAG 97
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 51 GTTTCCTCATTCGCAAGAGAGGTCCAAGGCTTCTAAGCATGCGGGAGAAAG 100

G 98 GAGTCTTTGCATCAAAAAAAGCAGCAAGCATCTTTATGCACCGTCGCCTC 147
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 101 AAGTGTTTACATCAAAAAGAAGAAGCAAACTTTTTCATACATAGACGCCCTT 150

G 148 CTATACAATAGATTTGATTTAGAACTCTTCACCTCCCGGGAACCTGGAGAG 197
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 151 CTGTATAATAGATTTGATCTGGAGCTCTTCACCTCCCGGCAACCTAGAAAG 200

G 198 AGAGTGCTATGAGGAGTTCTGTAGTTATGAAGAAAGCCAGAGAGATCCCTCG 247
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 201 AGAGTGCAATGAAGAACTTTGCAATTATGAGGAAGCCAGAGAGATTTTGTG 250
```

Fig. 45A

```
G 248 GGGACAACGAAGAAATGATCACATTCTGGCGGGAATATTCAGTCAAAGGA 297
    ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H 251 TGGATGAAGATAAAACGATTGCATTTTGGCAGGAATATTCAGCTAAAGGA 300

G 298 CCAACCACAGATCAGATGTCAACAAAGAGAAAAATTGATGTATGGGCCT 347
    ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H 301 CCAACCACAAAATCAGATGGCAACAGAGAGAAAAATAGATGTATGGGCCT 350

G 348 TCTGACTGGCTTAATTGCGGCTGGAGTATCTTGGTTGTTTGGCTTAC 397
    ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H 351 TCTGACTGGATTAATTGCTGCTGGAGTATTTTGGTTATTTTGGATTAC 400

G 398 TTGGTTACTATCTGTGTATCACCAAGTGTAATAGGCAGCCATATCAAGGT 447
    ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H 401 TTGGCTACTATCTTTGTATCACTAAGTGTAATAGGCTACAACATCCATGC 450

G 448 TC TTCAGCTGTCTACACAAGAAGGACCAGGCACACACCGTCCATCATTTT 497
    ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H 451 TC TTCAGCCGTCTATGAAGGGGG...AGGCACACTCCCTCCATCATTTT 497
```

Fig. 45B

```
G 498 CAGAACCCATGAGGAAGCTGTCTTGTCTCCAT...CGTCATCCTCAGAGG 544
      ||||| | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 498 CAGAAAGACCTGAGGAGGCTGCCTTGTCTCCATTGCCGCCCTTCTGTGGAGG 547

G 545 ACGCGGGACTACCTTCCCTATGAACAGGCAGTAGCTCTGACCAGAAAACAC 594
      ||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 548 ATGCAGGATTACCTTCTTATGAACAGGCAGTGGCGCTGACCAGAAAACAC 597

G 595 AGTGTCTCACCACCACTCCCATATCCTGGGCCAGCAAAAGGATTTAGGGT 644
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 598 AGTGTTTCACCACCACTCCCATATCCTGGGCACACAAAAGGATTTAGGGT 647

G 645 ATTTAAAAAGTCAATGTCACTCCCATCTCAC 675
      ||||| ||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 648 ATTTAAAAAATCTATGTCTCTCCCATCTCAC 678
```

Fig. 45C

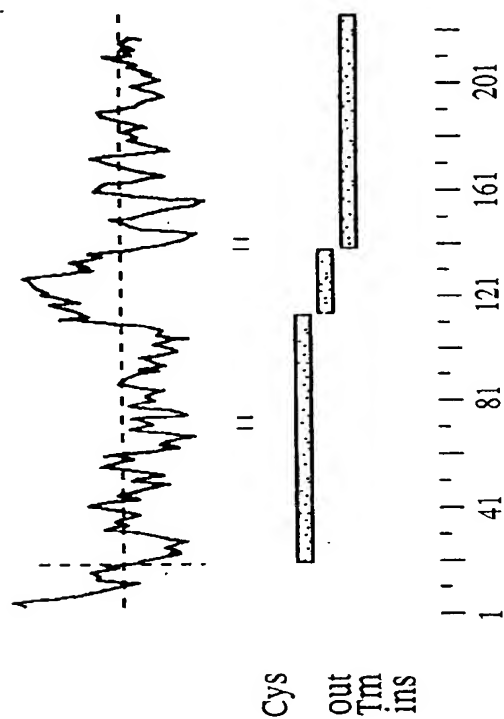


Fig. 47

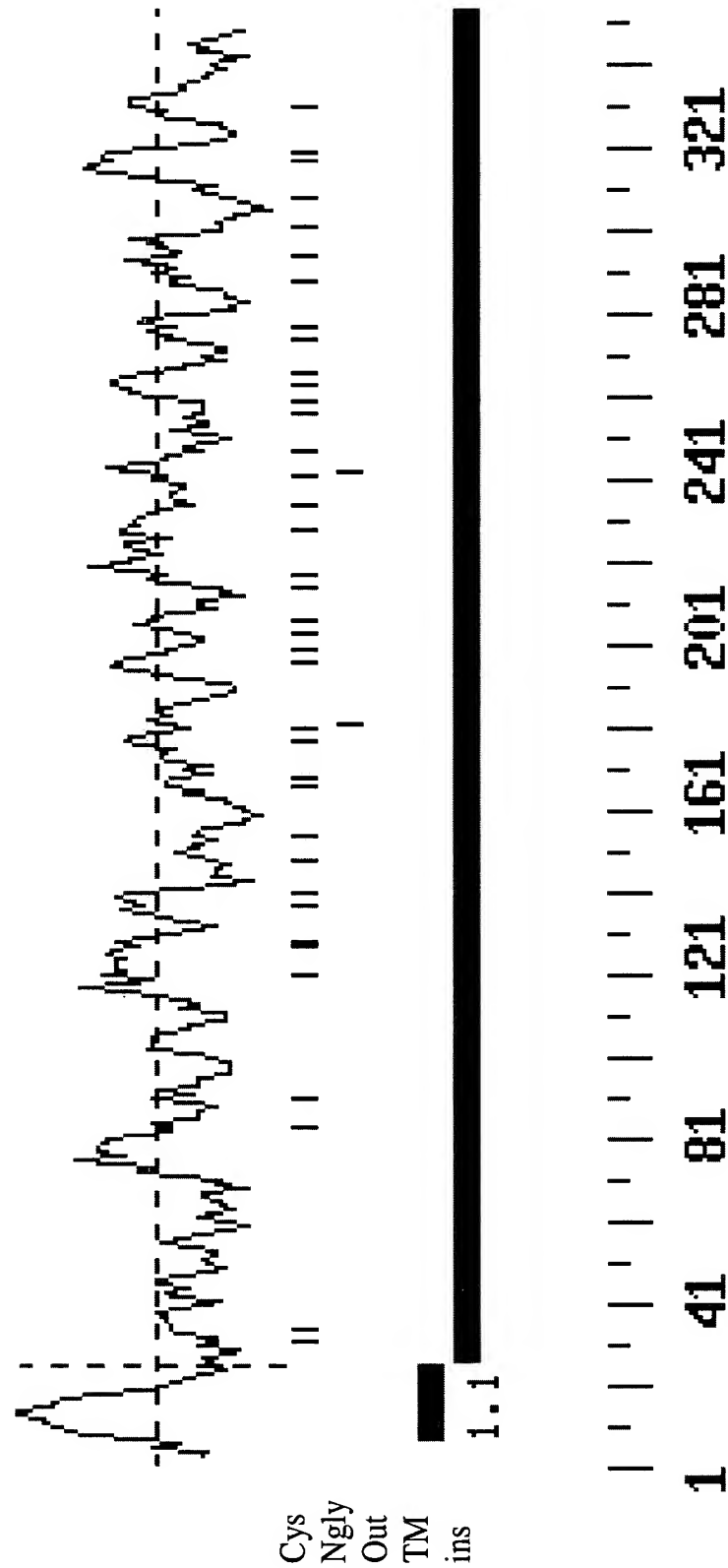


Fig. 48


```

      10      20      30      40      50
C  --GTAGCCGG--GGAACGGC-CGGC-----GCGCTTG-----CCGGTGGCGGAGCGGAGACT-CCACA
      : . : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  ACGCGTCCGCACANGCCGCGCGGCTGGGAGCGGGTGGCGCGCCGGAGGCCGGAGCAGCACGGCCGCA
      10      20      30      40      50      60      70

      60      70      80      90      100      110
C  G---CAGTT-CTC-TGCCG-GTCG-CCCGCGAGTGC-ACCGCCCATGCACCTGCCGC-CCGCTGCCGCAG
      : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGACCTGGAGCTCCGGCTGCGTCTTCCCGC-AGCGCTACCCGCCCATGCGCCTGCCGCGCGC-GGCCGCGC
      80      90      100      110      120      130

      120      130      140      150      160      170      180
C  TCGGGCT--GCTACTGCTGCTGCCCGCTTCCCGCGCGGTGGCCTCCCGGAAGCCGACAAATGTGCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  TGGGGCTCCTGCCGCTTCTGCTGCTGCTGCCCGCCCGCGGAGGCCGCCAAGAAGCCGACGCCCTGCCA
      140      150      160      170      180      190      200

      190      200      210      220      230      240      250
C  GAGGTGCCGGCGCTGGTGACAAAGTTCAACCAGGGGATGGCCAAACACGGCCAGGAAGAAATTCGGCGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  CCGGTGCCGGGGCTGGTGACAAAGTTTAACCAGGGGATGGTGGACACCGCAAAGAAGAACTTTGGCGGC
      210      220      230      240      250      260      270
```

Fig. 50A

```

260      270      280      290      300      310      320
C  GGCAACACGGCGTGGGAGGAGAGAGTCTGTCTCCAAGTACGAATTCAGTGAGATTCGGCTCCTGGAGATTA
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  GGGAACACGGCTTGGGAGGAAAAAGACGCTGTCCAAGTACGAGTCCAGCGAGATTTCGCCCTGCTGGAGATCC
280      290      300      310      320      330      340

330      340      350      360      370      380      390
C  TGGAGGGCCTGTGTGACAGCAACGACTTTGAATGCAACCAACT-CTTGGAACAGCATGAGGAGCAGCTAG
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  TGGAGGGGCTGTGCGAGAGACGCGACTTCGAAATGCAATCAGATGCTAGAGGC-GCAGGAGGAGCACCTGG
350      360      370      380      390      400      410

400      410      420      430      440      450      460
C  AGGCCCTGGTGGCAGACACTGAAGAAGGAGTGCCCTAACCTATTGTGAGTGGTTCTGTGTACACACTGAA
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  AGGCCCTGGTGGCTGCAGCTGAAGAGCGGAATATCCTGACTTATTCGAGTGGTTTGTGTGAAGACACTGAA
420      430      440      450      460      470      480

470      480      490      500      510      520      530
C  AGCATGCTGTCTTCCAGGCACCTATGGGCCAGACTGTGAGGAATGCCAGGGTGGGTCTCAGAGGCCCTGT
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  AGTGTGCTGCTCTCCAGGAACCTACGGTCCCGACTGTCTCGCATGCCAGGGCGGATCCCAGAGGGCCCTGC
490      500      510      520      530      540      550
```

Fig. 50B

```

540      550      560      570      580      590      600
C  AGCGGGAATGCCCACTGCGACGGAGATGGCAGCAGACAGGGCGACGGGTCCCTGCCAGTGTACCGTAGGAT
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  AGCGGGAATGCCCACTGCGACGGAGATGGGAGCAGACAGGGCGACGGGTCCCTGCCGGTGCACATGGGGT
560      570      580      590      600      610      620

610      620      630      640      650      660      670
C  ACAAGGGCCGCTGTGTATCGACTGCATGGATGGCTACTTCAGCTTGCTGAGGAACGAGACCCACAGCTT
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  ACCAGGGCCCGCTGTGCACTGCACTGGACGGCTACTTCAGCTCGCTCCGGAACGAGACCCACAGCAT
630      640      650      660      670      680      690

680      690      700      710      720      730      740
C  CTGCACAGCCCTGTGATGAGTCCCTGCAAGACATGCTCAGGTCCAACCAAAAGGCTGTGTGGAGTCCGAA
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  CTGCACAGCCCTGTGACGAGTCCCTGCAAGACGTGCTCGGGCCTGACCAACAGAGACTGCGGCGAGTGTGAA
700      710      720      730      740      750      760

750      760      770      780      790      800      810
C  GTGGGCTGGACACGTGTGGAGGATGCCCTGTGTGGATGTTGACGAGTGTGCAGCAGAGACCCACCCCTGCA
   ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
H  GTGGGCTGGGTGCTGGACGAGGGCGCCCTGTGTGGATGTGGACGAGTGTGCGGCCCGAGCCGCCTCCCTGCA
770      780      790      800      810      820      830
```

Fig. 50C

```

820      830      840      850      860      870      880      890
C  GCAATGTACAGTACTGTGAAATGTCAACGGCTCCTACACATGTGAAGAGTGTGATTCTACCTGTGTGGG
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GCGCTGCGCAGTTCTGTAAAGAACGCCAACGGCTCCTACACAGTGCGAAGAGTGTGACTCCAGCTGTGTGGG
840      850      860      870      880      890      900

890      900      910      920      930      940      950
C  CTGCACAGGAAAAGGCCCCAGCCCAATTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACAGCAAGCAAGGAGAGTGT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CTGCACAGGGGAAGGCCCCAGGAACTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACGCGAGGGAGCACGGACAGTGT
910      920      930      940      950      960      970

960      970      980      990      1000      1010      1020
C  GCAGATATAGATGAATGCTCATTAGAAAACAAAGGTGTGTAAGAAGGAAAATGAGAACTGCTACAATACTC
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GCAGATGTGGACGAGTGTCTACTAGCAGAAAAAACCTGTGTGAGGAAAAACGAAAACTGCTACAATACTC
980      990      1000      1010      1020      1030      1040

1030      1040      1050      1060      1070      1080      1090
C  CAGGGAGCTTTGTCTGCGTGTGTCGGAAGGTTTCGAGGAAGACAGAAAGATGCTTGTGTACAGACAGCAG
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CAGGGAGCTACGTCGTGTGTCTGACGGCTTCGGAAGAA-ACGGAAGATGCCTGTGTGCCCGCCGCGCAG
1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
```

Fig. 50D

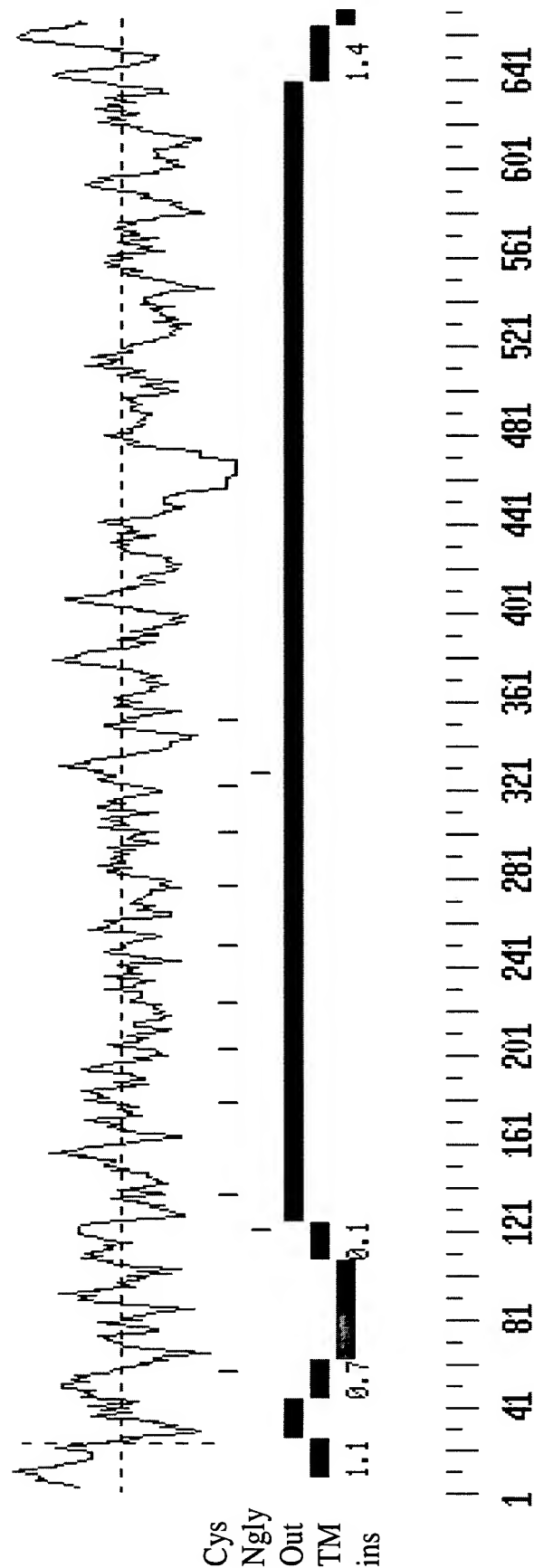


Fig. 51


```

360      370      380      390      400      410
332 YCFRDSAQP-SAIPEASNPNASDGLAIVTVTETLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGGSS
      :::::  ...  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF YCFRDSAQLPSLRPPTQPTQL--DGLEAIVTVTETLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGGSS
300      310      320      330      340      350

420      430      440      450      460      470      480
332 TPEDPAEAPRTLLEFETQSMVPTGFSEEGKALEEEEEKYDEDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF TPEDPAEAPRTLLEFETQSMVPTGFSEEGKALEEEEEKYDEDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
360      370      380      390      400      410      420

490      500      510      520      530      540      550
332 GPEASLPTEPAAQEKSLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPPRVHGPPTETLTPPRNLASPSSTL
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF GPEASLPTEPAAQEEESLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPPRVHGPPTETLTPPRNLASPSSTL
430      440      450      460      470      480      490

560      570      580      590      600      610      620
332 VEAREVGEATGGPELSGVPRGESEETGSSEGAPSLLPATRAPEGTRELEAPSEDN SGRTAPAGTSVQAQP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF VEAREVGEATGGPELSGVPRG-----GAR-----TQ-
500      510      520

630      640      650      660      670
332 VLPTDSASRGGVAVVPASGNSAQGSTALSILLFFPLQLWVT
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF -----FAL-----
```

Fig. 52B


```

680      690      700      710      720      730      740
M GACYKHFSTRSWEEAESQCRA LGAHLTSICTPEEQDFVND RYEQWIGLNDRTIEGDFLWSDGAPLLY
H -----SI-----L-----LLF
      660

750      760      770      780      790      800      810
M ENWNPGQPD SYFLSGENCVVMVWHDQGWSDVPCNYHLSY TCKMGLVSCGPPQLPLAQIFGRPRLRYAV
      :
H -----F-----PLQ-----
      :

820      830      840      850      860      870      880
M DTVLRYRCRDGLAQRNLPLIRCQENGLWEAPQISCVPRRPGRALRSM DAPEGPRGQLSRHRKAPLTTPSS
      :
H -----LWVT-----
      670
```

M L
H -

Fig. 53C

```

10      20      30      40      50
H  GTCG-ACCCA-CG-----CGTCC-----GTCCTGGCGGCCCCAGCCTCTCCTCAGCTCGCGCAGTC
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GAGGCTCCCGCGGAGCTGGCGCCCTGTCTGGGTCCCGCGCGCCCGGCC-CTGCTCGCGCCCGCGCA-TC
10      20      30      40      50      60

60      70      80      90      100     110     120
H  TCCGCCCGCAGTCTCAG-CTGCAGCTGCAGGACTGAGCCGTGCACCCGGAGGAGACCCCGGAGGAGCGGA
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GC-GCCGCAGTCTCGGTCTGCGGCTGCGGGACGTGACGGCGTGCGCGGAGGGGACCTC-----GCAA
70      80      90      100     110     120

130     140     150     160     170     180     190
H  CAAACTTCGCAGTGCCGCGACCCCAACCCAGCCCTGGGTAGCCTGCAGCATGGCCCCAGCTGTTCTGCCCC
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  -GTTCTTC-----CATC-----AGTG---TGCAGAATGATACCACCTGCTTCTGTCC
130     140     150     160     170

200     210     220     230     240     250     260
H  CTGCTGGCAGCCCTGGTCCCTGGCCAGGCTCCTGCAGCTTTAGCAGATGTTCTGGAAGGAGACAGCTCAG
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  CTGCTGGCCGCTCTGGTCCCTGACCCCAAGCCCTGCCGCCCTCGCTGATGACCTGAAAGAACAGACAGCTCGG
180     190     200     210     220     230     240

270     280     290     300     310     320     330
H  AGGACCGCGCTTTTCGCGTGCGCATCGCGGGCGACGCGCCACTGCAGGGCGGTGCTCGGGCGGCCCTCAC
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  AGGATCGAGCCCTTCCGCGTGCGCATCG-GTGC--CGCGCAGCTGCGGGCGGTGCTGGGCGGTGCCCTGGC
250     260     270     280     290     300
```

Fig. 54A

Fig. 54B

```

690      700      710      720      730      740      750
H CCTTTTCTGGGGCCAGGAGGCCCTGTGCCCCGCAATTGGAGCCCAACATCGCCACCCGAGAGCTCTATGC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CCTTCGCTGGAGCCCAAGGAAGCCTGCGCTCGCATAGGAGCCCAATCGCCACCCCGAGAGCTCTATGC
660      670      680      690      700      710      720

760      770      780      790      800      810      820
H CGCCTACCTTGGGGCTATGAGCAATGTGATGCTGGCTGGCTGCGGATCAGACCGTGAGGTATCCCATC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TGCCTACCTCGGGCGCTATGAGCAGTGTGATGCAGGCTGGCTGTCCGACCAAACTGTGAGGTACCCCATC
730      740      750      760      770      780      790

830      840      850      860      870      880      890
H CAGACCCCAAGAGAGGCCCTGTTACGGAGACATGGATGGCTTCCCCGGGGTCCGGAACCTATGGTGTGGTGG
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CAGAACCCACGAGAGGCCCTGCTCTGGAGACATGGATGGCTATCCTGGCGTGCGGAACTACGGAGTGGTGG
800      810      820      830      840      850      860

900      910      920      930      940      950      960
H ACCCGGATGACCTCTATGATGTGTACTGTATTATGCTGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCCCTGGGTGACCC
   . :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M GTCCTGATGATCTCTATGATGTCTACTGTATTATGCCGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCCCTAGGCGCCCC
870      880      890      900      910      920      930

970      980      990      1000      1010      1020      1030
H TCCAGAGAAGCTGACATTGGAGGAAGCACGGCGTACTGCCAGGAGCGGGGTGCAGAGATTGCCACCCACG
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TCCCAGCAAGCTGACATGGGAGGAGGCTCGGGACTACTGTCTGGAACGTTGGTGCACAGATCGCTAGCACACA
940      950      960      970      980      990      1000
```

Fig. 54C

	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380
H	TCACAGTGACAGAGACCCCTGGAGGA	ACTGCAGCTG	CCCTCAGGAAGCCACAGAGAGTGAAT	CCCCGTGGGGC			
	::::::::::::	::::::::::::	::::::::::::	::::::::::::	::::::::::::	::::::::::::	::::::::::::
M	TCACAGTGACAGAAAAAGCTGGAGGA	ACTGCAGCTG	CCCTCAGGAAGCGATGGAGAGCGAGTCTCGTGGGGC				
	1280	1290	1300	1310	1320	1330	1340

Fig. 54D

Replacement Sheet 152 of 213

Fig. 54E


```

2490      2500      2510      2520      2530
H CTTCA-TCCGCCCTGTGTGCC-----GTCC---CCTTTAGCTGC-CTCCT-----ATTGATCTC
: : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTCAGATTTCCTGTGTACCCCGAGGCCCTGGCCGTGCTCTGCGCTCCAATGGACGCCCCAGAACGACCCAC
2680      2690      2700      2710      2720      2730      2740

2540      2550      2560      2570      2580
H AGGGA-AGC-----CTGGGAGTC-CC-TTCTCACC--CCTC-AACCTCCGGAGT-CCAGGAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGGACAGCTCTCGAGGCACAGGAAGGCACCCGTTGACACCCGCCCTCCAGTCTCTAGGGAGCCTGGAAGAC
2750      2760      2770      2780      2790      2800      2810

2590      2600      2610      2620      2630
H CCGTACCCCCA-CAGAGCCTTAA-GCAACTACT-----TCT-----GTGAAGTATTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M TGCTGCCCCCAGCAGGACCCCTCTCACATCAACTGCCAGTGCTCTTCCCCATGATAGGGGTGACGTGAGA
2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880

2640      2650
H ----TTTGACTGT--TTCA-----TGGAAACA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGGTGGGACTGAAATTTCAGAGGACAGCGCTCGAAGGGGTTTCTTGGGAAACACTTGGGTGGCTCCGCCCCC
2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950

2660      2670      2680
H -----AGCCTTGGAAT-----AAATCTCTATTAA-----AC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CTCACACAAGGGCCTCAGGTTTACCCCGGTAAGTCCCTAAGTGCCCTCAACTGCCCTCTCATGTCAAGCTGC
2960      2970      2980      2990      3000      3010      3020
```

Fig. 54I


```

      2690                               2700
H CGCTTTGT-----AAC-----CAAAAAAAAAAAAAA
: : : : :                               : : : : :
M CTCCTTGTCCCTCGATNTCGTNAGGGGACACACTGTGCTATTTCGATCTTGATTCGAAAGAGTTTTAGGAT
3030 3040 3050 3060 3070 3080 3090

      2710                               2730
H AAA-----AAAAAAGGGCGG--CC-----GC
: : : : : : : : : : : : : : :
M GGAGTACCAGCAAAACCAGGTGGAAATAAAGTTGTCTGAACCCAAAGAAAAA
3100 3110 3120 3130 3140 3150
```

Fig. 54J

```
Hum. MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPSPGLPGPECF TANGADYRG TQNW TALQGGKPC LFWNETFQHPYNT 10 20 30 40 50 60 70
      :::::::::::::::::::::::  :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPGPR--SGPECF TANGADYRG TQSW TALQGGKPC LFWNETFQHPYNT 10 20 30 40 50 60
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT 80 90 100 110 120 130 140
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT 70 80 90 100 110 120 130
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. SNKLLTIQTICISFCRSQRFKFAGMESGYACFCGNNPDYWKYGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRILLFD 150 160 170 180 190 200 210
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. SNKLLTIQTICISFCRSQRFKFAGMESGYACFCGNNPDYWKHGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRILLFD 140 150 160 170 180 190 200
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. TLVGACGGNYSAMSSVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASHIHFSFPLFDIRDSADMVELLDGYTHRV 220 230 240 250 260 270 280
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. TLVGACGGNYSAMAAVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASRIHFNFTLFDIRDSADMVELLDGYTHRV 210 220 230 240 250 260 270
```

Fig. 55A

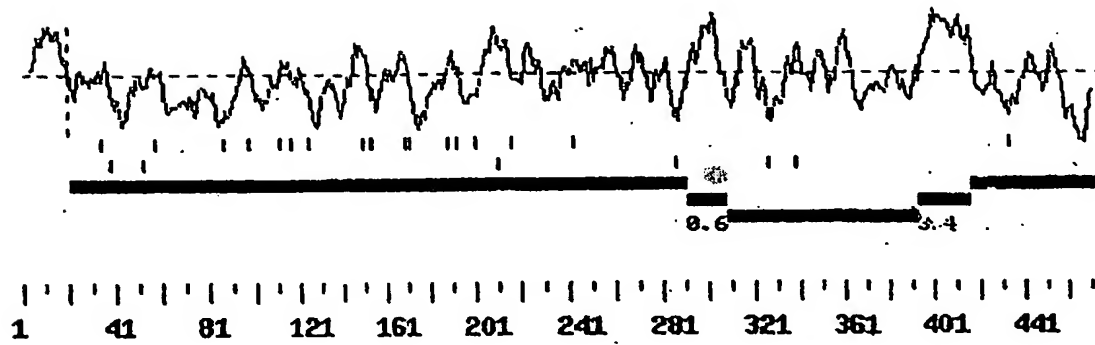


Fig. 56A

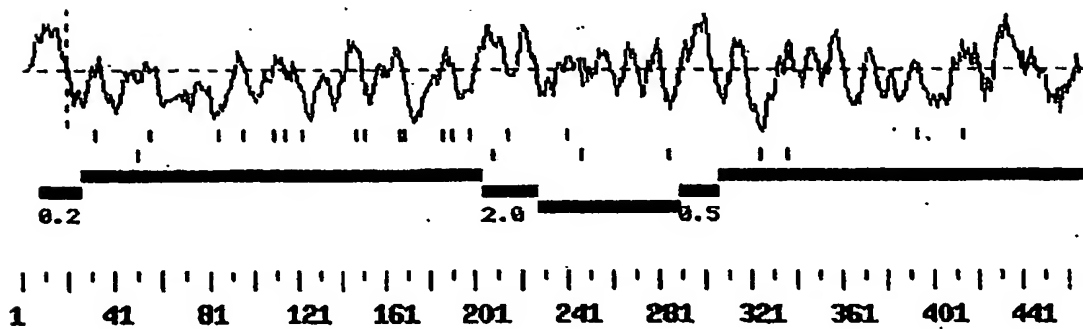


Fig. 56B

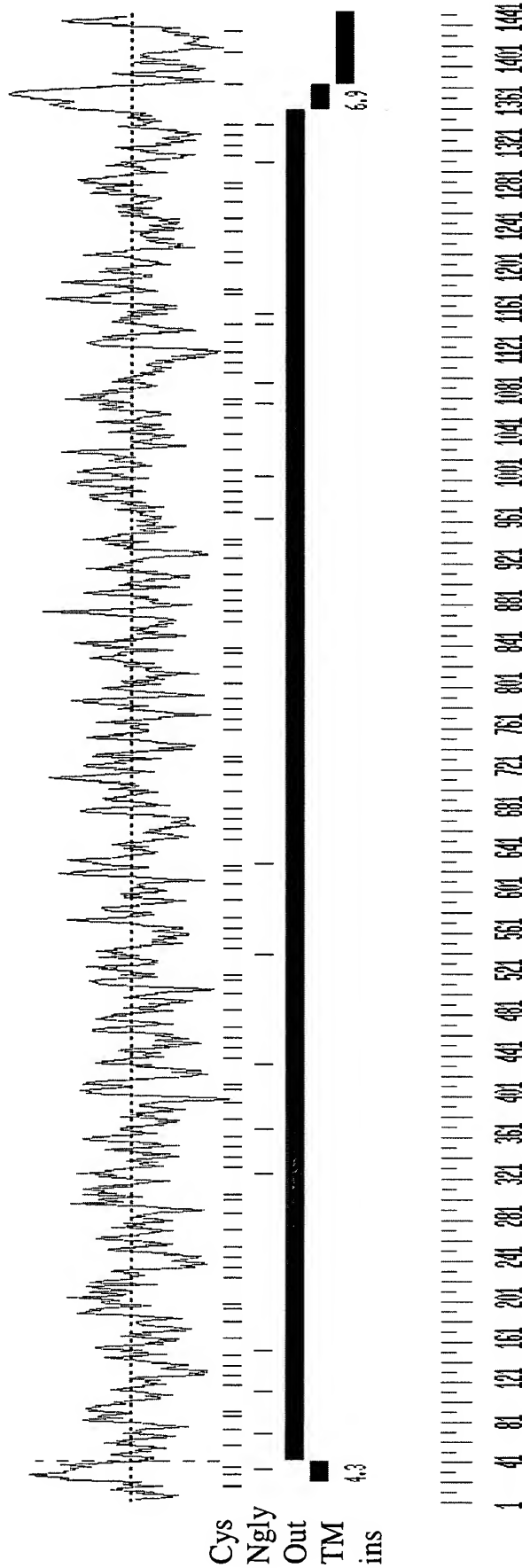


Fig. 57

```

10      20      30      40      50      60      70
Hum.  MMLPQNSWHIDFGRCCCHQNLFSAVVTCILLNSCFLISSFNGTDLELRLVNGDGPCSGTVEVKFQGWG
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  MAL-----GR---HLSLRGL---CVLLLLGT--MVG---GQALELRLKDGVHRCEGRVEVKHQGEWG
      10      20      30      40      50

      80      90      100     110     120     130
Hum.  TVCDDGWNTTASTVVKQLGCPFSFAMFRFGQAVTR-HGKIWLDDVSCYGNESALWECQH---REWGSHN
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  TVDGYRWTLKDASVVCRLGCGAAIG-FPGGAYFGPGLPIWLLYTSCEGTSTVSDCEHSNIKDYRNDG
      60      70      80      90     100     110

      140     150     160     170     180     190     200
Hum.  CYHGEDVVCYGEANLGLRLVDGNNSCSGRVEVKFQERWGTICDDGWNLTAAVVCRLGCPSSFISGG
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  YNHGRDAGVVCSG----FVRLAGDGPSCGRVEVHSGEAWIPVSDGNFTLATAQIICAELGCGKAVSVLG
      120     130     140     150     160     170     180

      210     220     230     240     250     260     270
Hum.  VNNSPAVLRPIWLDDILCQGNELALWNCRRHGWGNHDCSHNEDVTLTCYDSSDLELRLVGGTNRCMGRVE
      .      .      .      .      .      .      .
WC1  HELFRESSAQVWAEFRCEGEEPELWVCPRVPCPGGTCHHSGSAQVVC SAYSEVRL-MTNGSSQCEGQVE
      190     200     210     220     230     240     250
```

Fig. 58A

```

      280      290      300      310      320      330      340
Hum. LKIQRWGTVCHHKWNNAADVCKQLGCGTALHFAGLPHLQSGSDVVWLDGVSCSGNESFLWDCRHS GT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 MNISGQWRALCASHWSLANANVICRQLGCGVAISTPGGPHLVEEGDQILTARFHCSGAESFLWSCPV TAL
      260      270      280      290      300      310      320

      350      360      370      380      390      400      410
Hum. VNFDCLEHNDVSVICSDGADLELRADGSNNCSGRVEVRIHEQWWTICDQNWKNEQALVCKQLGCPFSV
      . :: : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 GGPDCSHGNTASVICS-GNQI-----QVLPQCND-----SV
      330      340      350

      420      430      440      450      460      470      480
Hum. FGSRRAKPSNEARDIWINISICTGNESALWDCITYDGKAKRTCERRSDAGVICSDKADLDLRLVGAHSPCY
      :: :: : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 -----SQPTGSA-----ASEDSA-----PY-----CDSRQL--RLVDGGGPCA
      360      370      380

      490      500      510      520      530      540      550
Hum. GRLEVKYQGEWGTVCHDRWSTRNAAVVKQLGCGKPMHVFGMTYFKEASGPIWLDDVSCIGNESNIWDCE
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 GRVEILDQGSWGTICDDGWDLDARVVC RQLGCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDNLNCTGKESHVWRCP
      390      400      410      420      430      440      450
```

Fig. 58B

Hum.	560	570	580	590	600	610	620	
	HS	G	W	G	K	H	N	C
	V	H	R	E	D	V	I	V
	T	C	S	G	D	A	T	W
	G	L	R	L	V	G	G	N
	R	C	S	R	C	S	R	L
	E	V	F	Q	G	R	W	G
	T	V	C	D	D	G	W	N
	S	K	A	A	A	V	V	C
	S	Q	L	D	C			
WC1	460	470	480	490	500	510	520	
	S	R	G	W	G	Q	H	N
	C	R	H	K	Q	D	A	G
	V	I	C	S	--	E	F	L
	A	R	M	V	S	E	D	Q
	Q	C	A	G	W	L	E	V
	F	Y	N	G	T	W	G	S
	V	C	R	N	P	M	E	D
	I	T	V	S	T	I	C	R
	Q	L	G	C				
Hum.	630	640	650	660	670	680	690	
	P	S	S	I	G	M	G	L
	N	A	S	T	G	Y	G	K
	I	W	L	D	V	S	C	D
	G	E	S	D	L	W	S	C
	R	N	S	G	W	G	N	D
	C	S	H	S	E	D	V	G
	V	I	C	S	D	A	S	M
	E	L	R	L	V	G	G	S
WC1	530	540	550	560	570	580	590	
	G	D	S	G	T	L	N	S
	S	S	V	A	L	R	E	G
	F	R	P	Q	W	D	R	I
	Q	C	R	K	T	D	T	S
	L	W	Q	C	P	S	D	P
	W	N	Y	N	S	C	S	P
	K	E	E	A	Y	I	W	C
	A	D	S	R	--	Q	I	R
	L	V	D	G	G			
Hum.	700	710	720	730	740	750	760	
	S	R	C	A	G	K	V	E
	N	V	Q	G	A	V	G	I
	L	C	A	N	G	W	M	N
	I	A	E	V	V	C	R	L
	E	C	G	S	A	I	R	S
	R	E	P	H	F	T	E	R
	T	L	H	I	L	M	S	N
	S	G	C	T	G	G	E	A
	S	L						
WC1	600	610	620	630	640	650	660	
	G	R	C	S	G	R	V	E
	I	L	D	Q	G	S	W	G
	T	I	C	D	R	W	D	L
	D	D	A	R	V	V	C	K
	Q	L	G	C	G	E	A	L
	D	A	T	V	S	S	F	F
	G	T	G	S	G	P	I	W
	L	D	E	V	N	C	R	G
	E	E	S	Q	V			
Hum.	770	780	790	800	810	820	830	
	W	D	C	I	R	W	E	W
	K	Q	T	A	C	H	L	N
	M	E	A	S	L	I	C	S
	A	H	R	Q	P	R	L	V
	G	A	D	M	P	C	S	G
	R	V	E	V	K	H	A	D
	T	W	R	S	V	C	D	S
	D	F	S	L	H	A	A	N
	V	L	C	R	E	L		
WC1	670	680	690	700	710	720	730	
	W	R	C	P	S	W	G	R
	Q	H	N	C	N	H	Q	E
	D	A	G	V	I	C	S	G
	F	--	V	R	L	A	G	G
	D	P	C	S	G	R	V	E
	V	H	S	G	E	A	W	T
	P	V	S	D	G	N	F	T
	L	P	T	A	Q	V	I	C
	A	E	L					

Fig. 58C

Hum.	840	850	860	870	880	890	900
NCGDAISLSVGDHFGKGNGLTWAЕКFQCEGSETHALCPVQHPEDTCIHSREVGVVCSRYTDVRLV-NG							
WC1	740	750	760	770	780	790	800
GCGKAVSVLGHMPFRESDGQVWAEERFCRCDGGEPELWSCPRVPCPGGTCLHSGAAQVVCVYTEVQLMKNG							
Hum.	910	920	930	940	950	960	970
KSQCDGQVEINVLGHWGSLCDTHWDPEDARVLCRQLSCGTALSTTGKYYIGERSVRVWGHFRFCHLGNESL							
WC1	810	820	830	840	850	860	870
TSQCEGQVEMKISGRWRALCASHWSLANANVVCRLGCGVAISTPRGPHLVEGGDQISTAQFHCSGAESF							
Hum.	980	990	1000	1010	1020	1030	1040
LDNCQMTVLGAPPCIHGNTVSVICTGSLTQPLFPCLANVSDPYLSAVPEGSALICLEDKRLRLVDGDSRC							
WC1	880	890	900	910	920	930	940
LWSCPVTALGPGDCSHGNTASVICSGNHTQVLPQCNDFLSQPAGSAAESESSPYCSDSRQLRLVDGGGPC							
Hum.	1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110
AGRVEIYHDFWGTICDDGWDLSDAHVVCQKLGCGVAFNATVSAHFGECSGPIWLDDLNCTGTESHLWQC							
WC1	950	960	970	980	990	1000	1010
GGRVEILDQGSWGTICDDDWDLDDARVVCRLGCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDDLNCTGKESHVWRC							

Fig. 58D

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Hum.  PSRGWQHDCRHKEDAGVICSEFTALRLYSETETESCAGRLEVFYNGTWGSGVGRNITTAIAGIVCRQLG
      :::::::::::::::::::::: :: :: :::::::::::::::::::::: :: ::::::::::::::
WC1  PSRGWGRHDCRHKEDAGVICSEFLALRMVSEDQQ--CAGWLEVFYNGTWGSGVCRSPMEDITVSVICRQLG
      1020      1030      1040      1050      1060      1070

1190      1200      1210      1220      1230      1240
Hum.  CGENGVS LAPLSKTGSGFMWVDDIQCPKTHISIWQCLSA PWERRISSPAEETWITCEDR-----
      ::::: . . . :: :: :: :::::::::::::: :::: :: :::::
WC1  CGDSGSLNTSVGLREGSRPRWVDLIQCRKMDTSLWQCPSPWKYSSCPKEEAYISCEGRRPKSCPTAAA
      1080      1090      1100      1110      1120      1130      1140

1250      1260      1270      1280      1290      1300
Hum.  -----IRVRGGDTECSGRVEIWHAGSWGTVCDSDSLAEAEVVCQQLGCGSALALRDASFQGTGTIW
      :::::::::::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
WC1  CTDREKRLRLRGGDSECSGRVEVWHNGSWGTVCDSDSWSLAEAEVVCQQLGCGQALEAVRSAAFPGNGSIW
      1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210

1310      1320      1330      1340      1350      1360
Hum.  LDDMRCKGNESFLWDCHAKPWGQDCCGHKEDAGVRCSG-----QSLKSLNASSGHLALI
      ::::: : : : : : ::::::::::: : :::::::::::
WC1  LDEVQCGGRESSLWDCVAEPWGQSDCKHEEDAGVRCSGVRTTLPTTTAGTRTTSNSLPGIFSLPGVLC LI
      1220      1230      1240      1250      1260      1270      1280
```

Fig. 58E


```

560      570      580      590      600      610      620
Hum.  ACTTGAATACTGCTGCCGTGGTGTGCAGGCAACTAGGATGTCCATCTTCTTTATTCTTCTGGAGTTGT
      .:. . .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1   TCACACTTGCCACTGCC-----CAG-----ATCATCTGT-----GCAGAGTTGGG
490      500      510      520

630      640      650      660      670      680      690
Hum.  TAATAGCCCTGCTGTATTGCGCCCCCATTTGGCTGGATGACATTTTATGCCAGGGGAATGAGTTGGCACT-
      :.:.:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1   TTGTGGC-----AAGGCTG--TGTCTGT-----CCTGGGACATGAG-----CTCTTT
530      540      550      560

700      710      720      730      740      750      760
Hum.  CTGGAATTGCAGACATCGTGGATGGGAAATCATGACTGCAGTCACAAATGAGGATGTACATTAAC TTGT
      :.:.:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:
WC1   CAGAGAGTCCAGT-GCC-----CAGGTCTG--GGC-----TGAAGAGTTCA-----GG
570      580      590      600

770      780      790      800      810      820      830
Hum.  TATGATAGTAGTGATCTTGAACTAAGGCTTGTAGGTGGAAC TAACCGCTGTATGGGGAGAGTAGAGCTGA
      :.:.:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:
WC1   TGTGAGGGGAGGAGCCTGAGCT---CT-----GGTCTGCCCC-CAGAGTG-----CCCTG-
610      620      630      640      650
```

Fig. 59C

```

      840      850      860      870      880      890      900
Hum.  AATCCAAGGAGTGGGGACCGTATGCCACCATAAGTGGAAACAATGCTGCAGCTGATGTCGTATGCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ---TCCA-----GGGGCACGTGT--CACCACA-GTGGATC--TGCT-CAGGTTGTTTGTTCAGCAT
      660      670      680      690      700

      910      920      930      940      950      960      970
Hum.  GCAGTTGGGATGTGGAACCGCACTTCACCTTCGCTGGCTTGCCCTCATTTGCAGTCAGGGTCTGATGTTGTA
      . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :
WC1  ACT-----CAGAAGTCCGGCTCATGACAA-AC-GGCT--CCTC-TCAG-TGTGAAGGCGCAGGTGGAGAT
      710      720      730      740      750      760

      980      990      1000      1010      1020      1030      1040
Hum.  TGGCTTGATGGTGTCTCCTCGTCCGGTAATGAATCTTTCTTTGGACTGCAGACATTCGGAAACCGTCA
      . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :
WC1  GAACATT-----TCTG-GACAATGGAGAGCGCTCTGTGCCCTCCC-CTGGAGTCTGGCCCAATGCC---A
      770      780      790      800      810      820

      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
Hum.  ATTTTGACTGTCTTCATCAAAACGATGTGTCTGTGATCTGTGCTCAGATGGAGCAGATTTGGAACTGCGACT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTTATCTGTCGTCAAGTCGGCTGTGGAGTTGCCATCTCCACCCCGGAG-----GACCAC-ACT
      830      840      850      860      870      880
```

Fig. 59D

Fig. 59E


```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Hum.  CTGGAGTAATTTGTTCTGATAAGGCAGATCTGGACCTAAGGCTTGTCTGGGGCTCATAGCCCCCTGTTATGG
      :: ...      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CTCAGA-----CAG--CAGGCAGCTCCG--CCTGGTG---GACGGGG-GC--GGTCCCTGCGCCGG
1110      1120      1130      1140      1150      1160

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Hum.  GAGATTGAGGTGAATAACCAAGGAGAGTGGGGACTGTGTGTCTCATGACAGATGGAGCACAAGG-AATGC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  GAGAGTGGAGATCCTTGACCCAGGGCTCCTGGGGCACCATCTGTGATGACGGCTGGGAC-CTGGACGATGC
1170      1180      1190      1200      1210      1220

1530      1540      1550      1560      1570      1580      1590
Hum.  A-GCTGTTGTGTGTAACAATTTGGGATGTGGA-AAGCCTATGCATGTGTTTGGTATGACCTATTTTAAAG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CCGC-GTGGTGTGCAGGCAGCTGGGCTGTGGAGAACCCCTCA-ATGCCACGGGGTCTGCTCACTTCGGGG
1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290

1600      1610      1620      1630      1640      1650      1660
Hum.  AAGCATCAGGACCTATTGGCTGGATGACGTTTCTTGCATTGGAATGAGTCAAAATATCTGGGACTGTGA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CAGGATCAGGGCCCCATCTGGTTGGACAACCTGAACTGCACAGGAAAGGAGTCCCACGTGTGGAGGTGCC
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
```

Fig. 59F

```
1670      1680      1690      1700      1710      1720      1730
Hum. ACACAGTGGGAAAGCATAAATTGTGTACACAGAGGATGTGATTGTAACCTGCTCAGGTGATGCA
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430
WC1 TTCCCGGGGCTGGGGCAGCACAACTGCAGACACAAAGCAGGACGGGGTCACTGCTCAG--AGTTC-
1740      1750      1760      1770      1780      1790      1800
Hum. ACATGGGGCCTGAGGCTGGTGGCGGCAGCAACCGCTGCTCGGGAAGACTGGAGGTGACTTCAAGGAC
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1440      1450      1460      1470      1480      1490      1500
WC1 -CT--GGCCCTCAGGATGGTGAGTGAGGACCAGCAGTGTGCTGGGTGGCTGGAAGTTTCTACAATGGGA
1810      1820      1830      1840      1850      1860      1870
Hum. GGTGGGGCACAGTGTGTGATGACGGCTGGAACAGTAAAGCTGCAGCTGTGGTGTAGCCAGCTGGACTG
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1510      1520      1530      1540      1550      1560      1570
WC1 CCTGGGGCAGTGTCTGCCGTAACCCCATGGAAGACATCACTGTGTCCACGATCTGCAGACAGCTTGGCTG
1880      1890      1900      1910      1920      1930      1940
Hum. CCCATCTTCTATCATTTGGCATGGGCTG-GGAAACGCTTCTA-CAGGATATGGAATAATTGGCTCGATG
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1580      1590      1600      1610      1620      1630
WC1 T--GGGGACAGTGAACCCCTCAACTCTTCTGTGCTCTTAGAGAAGGTTTtagGCCACAGTGGGTGGAT-
```

Fig. 59G

```

1950      1960      1970      1980      1990      2000      2010
Hum.  ATGTTTCCTGTGATGGAGATGAGTCAGATCTCTGGTCATGCAGGAACAGTGGGTG--GGGAAATAATGAC
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  -AGAAATCCAGTGTGGAAAACTGACACCTCTCT---CTGGCAGTGTCTCTGACCCCTTGGAATTACAAC
1640  1650      1660      1670      1680      1690      1700

      2020      2030      2040      2050      2060      2070      2080
Hum.  TGCAGTCACAGTGAAGATGTTGGAGTG-ATCTGTTCTGATG-CATCGGATATGGAGCTGAGGCTGTGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  T-CATGCTCTCCAAAGGAGGAAAGCCCTATATCTGGTGTGCAGACAGCAGACA--GATCCGC--CTGGTGGA
1710  1720      1730      1740      1750      1760

      2090      2100      2110      2120      2130      2140      2150
Hum.  TGGAAAGCAGCAGGTGTGCTGGAAAAGTTGAGGTGAATGTCCAGGGTGCCGTGGGAATTCTGTGTGCTAAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TGGAGTGGTCGCTGCTCTGGGAGAGTGGAGATCCTTGACCCAGGGCTCCTGGGGCACCATCTGTGATGAC
1770  1780      1790      1800      1810      1820      1830

      2160      2170      2180      2190      2200      2210      2220
Hum.  GGCTGGGGAATGAACATTGCTGAAGTTGTTGCAGGCAACTTGAATGTGGGTCTGCAATCAGGGTCTCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CGCTGGGACCTGGACGATGCCCGTGTGGTGTGCAAGCAGCTGGGCTGTGGAGAAGC---CCTGGACGCCA
1840  1850      1860      1870      1880      1890      1900
```

Fig. 59H

```

2230      2240      2250      2260      2270      2280
Hum.  GAGA-GCCTCATTTACACAGAA--AGAACATTACACATCTTAAATGTCGAATTCTGGCTGCACCTGGAGGGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTGTCTCTTCTTCTTCGGACGGGATCAGGGCCCATCTGGCTGGATGAACTGCACTGCAAGGAGAGGA
1910      1920      1930      1940      1950      1960      1970

2290      2300      2310      2320      2330      2340      2350
Hum.  AGCCTCTCTCTGGGATGTATACGATGGGAGTGGAACAG-ACTGCGTGTCAATTAAATATGGAAGCAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTCCCCAAGTATGGAGGTGCCCTTCCCTGGGGATGGCGGCAACACAAC-TGCAATCATCAAGAAGATGCAGG
1980      1990      2000      2010      2020      2030      2040

2360      2370      2380      2390      2400      2410      2420
Hum.  TTTGATCTGCTCAGCCACAGGCAGCCAGGCTGGTTGGAGCTGATATGCCCTGCTCTGGACGTGTTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  AGTCATCTGCTCAGGATTTGTGC-----GTCTGGCTGGAGGAGATGGACCCCTGCTCAGGGCGGAGTAGAA
2050      2060      2070      2080      2090      2100

2430      2440      2450      2460      2470      2480      2490
Hum.  GTGAAACATGCAGACACATGGCGCTCTGTCTGTGATTCGATTTCTCTCTCATGCTGCCAATGT--GCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTGCATTTCTGGAGAAGCCCTGGACCCCAAGTGTCTGTATGGAAACTTCACACTCCCCACTGCCAGGTCATCT
2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
```

Fig. 59I

Replacement Sheet 177 of 213

Fig. 59J

```

2780      2790      2800      2810      2820      2830      2840
Hum.  TGTGTGACACCCACTGGGACCCAGAAAGATGCCCGTGTCTATGCAGACAGCTCAGCTGTGGGACTGCTCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TCCTGTGCTCCCACTGGAGTCTGGCCAATGCCAAATGTTGCTCTGTCTCAGCTCGGCTGTGGAGTCGCCCAT
2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520

2850      2860      2870      2880      2890      2900      2910
Hum.  CTCAACACAGGAGGAAATATATGGAGAAAGAGTGTTCGTGTGGGACACAGGTTTCATTGCTTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTCCACCCCCAGAGGACACACTTGGTGAAGGAGGTGATCAGATCTCAACAGCCCCAATTTCACTGCTCA
2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590

2920      2930      2940      2950      2960      2970      2980
Hum.  GGGAAATGAGTCACTTCTGGATAAAGTCAAAATGACAGTCTTGGAGCACCTCCCTGTATCCATGGAAATA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGGGCTGAGTCCCTTCCCTGTGGAGTTGTCCCTGTGACTGCCCTTGGGTGGGCTGACTGTTCCTCCATGGCAACA
2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660

2990      3000      3010      3020      3030      3040      3050
Hum.  CTGTCTCTGTGATCTGCACAGGAAGCCTGACCCAGCCACTGTTTCCATGCCCTCGCAAATGTATCTGACCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CAGCCTCTGTGATCTGCTCAGGAAACCCACACCCAGGTGCTGCCCCAGTGCAACGACTTCCTGTCTCAACC
2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
```

Fig. 59K

Replacement Sheet 180 of 213

Fig. 59M


```
3610      3620      3630      3640      3650      3660      3670
Hum.  GTTTCATGTGGGTGGATGACATTTCAGTGTCTCTAAACGCATATCTCCATATGGCAGTGCCTGTCTGCCCC
      :: : ::::::::::: . ::::::::::: :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: :
WC1  GACCCCGTGGGTAGATTTAATTCAGTGTGCGAAATGGATACCTCTCTCTGTGGCAGTGTCTCTGTGGCCC
3290      3300      3310      3320      3330      3340      3350

3680      3690      3700      3710      3720      3730      3740
Hum.  ATGGAGCGAAGAAATCTCCAGCCCAGCAGAAAGAGACCTGGATCACATGTGAAGATAGAATA---AGAG-
      ::::::::::: . :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: : :::: :
WC1  ATGGAAATACAGTTTCATGTCTCTCCAAAGGAGGAAGCCTACATCTCATGTGAAGGAAGAACCCAAAGAGC
3360      3370      3380      3390      3400      3410      3420

Hum.  -----TGC----- 3750      3760
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TGTCCAACTGCTGCCGCCCTGCACAGACAGAGAGAGCTCCGCCCTCAGGGGAGGAGACAGCGAGTGTCTCAG
3430      3440      3450      3460      3470      3480      3490

3770      3780      3790      3800      3810      3820      3830
Hum.  GGAGAGTGGAGATCTGGCACGCGAGGCTCCTGGGGCACAGTGTGTGATGACTCCTGGGACCTGGCCGAGGC
      :: : ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  GCGGGTGGAGGTGTGGGCACAAACGGCTCCTGGGGCACCGTGTGCGATGACTCCTGGAGCCTGGCAGAGGC
3500      3510      3520      3530      3540      3550      3560
```

Fig. 59N

Fig. 590

```
Hum. 4100 4110 4120 4130 4140
G-----TATCTT-----TGGGCTC-CTTCTC-----CTGGTTCT-----GTTTATTCTATTCTCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 3850 3860 3870 3880 3890 3900 3910
GGGGTTCTCTGCCCTTATCCTGGGGTCGGCTTCTCTCCCTGGTCCTCGTCATCCTGGTGACTCAGCTACTCA
3920 3930 3940 3950 3960 3970 3980
Hum. 4150 4160 4170 4180
CGTGGTG--CCGAGTTCAGAAACAAAACATCT-----GCCC---CT-----CAGAGTTT-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 3920 3930 3940 3950 3960 3970 3980
GATGGAGAGCAGAGCGCAGAGCCCTTATCCAGCTATGAAGATGCTCTTGCTGAAGCTGTGTATGAGGAGCT
4190 4200 4210 4220
Hum. -----CAAC-----CAGAAGGAGGG---GTTCT-CTCG---AGGAGAAATTATTCATGA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 3990 4000 4010 4020 4030 4040 4050
CGATTACCTTCTGTACACACAGAAGGAGGTCTGGGCAGCCACAGATCAGATGATGTCCCTGATGAAAT
4230 4240 4250
Hum. ---GATGGAG-----ACCTG-----CCTC-----AAGAGAGAGGAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 4060 4070 4080 4090 4100 4110 4120
TATGATGATGCTGAAGAAGTACCAGTGCCCTGGAACCTCTTCTCCCTCTCAGGGGAATGAGGAGGAAGTGC
```

Fig. 59P

```

4260      4270      4280      4290
Hum.  CCACATGGGACAAAGAAC-----CTCAGA-TGACAC---CC-----CCAA-----
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   CCCCAGAGAAAGGAGGACGGGGTGAGGTCCTCTCAGACAGGCTCTTTCCTGAACCTTCTCCAGAGGCAGC
4130      4140      4150      4160      4170      4180      4190
      4300      4310      4320      4330
Hum.  -----CCATGGTT--GTGAAGA-----TGCTAGCGACAC-----ATCGCTG--TTGGGAGTT
      :: :: . . :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   TAAATCCTGGGGAAGGAGAAGAGAGAGCTTCTGGCTGCTCCAGGGGAAGAAAGGGATGCTGGGTATGATGAT
4200      4210      4220      4230      4240      4250      4260
      4340      4350
Hum.  CTT-----CCTG-----CCTCTGAAGCCACAAAA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   GTTGAACTCAGTGCCCTGGGAAACATCCCCAGTGACTTTCTCG
4270      4280      4290      4300
```

Fig. 59Q

Fig. 60A

Hum.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCTQPGQLPFNVIRHAVLLPADSPTAPHIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	::						
Mur.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCAQPGQLPFNIIRHAVLLPADSPSVSRIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	::						
Hum.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGPETNPRPGSCSVGPSSDKALTFMKDHFLLMDEQVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	::						
Mur.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGSEVSPRPGSCSMGPSSDKALTFMKDHFLLMDEHVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	::						
Hum.	430	440	450	460	470	480	490
	ETAQGLDGHSHLVMYLGTGTGSLHKAVVSGDSSAHLVEEIQLFDPPEVRNLQLAPTQGA VFGVFGSGVW						
	::						
Mur.	430	440	450	460	470	480	490
	ESARGLDGSSHVVMYLGTTGTLHKAVVPQDSSAYLVEEIQLSPDSEFVRNLQLAPAQGA VFAFGSGGIW						
	::						
Hum.	500	510	520	530	540	550	560
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCCLLSAPNLNSWKQDMERGNPEWACASGPM SRSLSLRPQS						
	::						
Mur.	500	510	520	530	540	550	
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCLLSGST-KPWKQDMERGNPEWVCTRGP MARSPPRRQS						

Fig. 60B

Hum.	570	580	590	600	610	620	630
	RPQIIKEVLAVPNSILELPCPHLSALASYW	SHGPAAP	PEASSTVYNGS	LLLVQD	GVGGLYQC	WATENG	
	
Mur.	560	570	580	590	600	610	620
	PPQLIKEVLTVPNSILELRCPHLSALASYW	SHGRAKISEASATVYNGS	LLLLPQD	GVGGLYQC	VATENG		
	
Hum.	640	650	660	670	680	690	700
	FSYPVISYWDSQDQTLALDPELAGIPREHV	KVPLTRVSGGAALAAQQSYWPHFVT	TVL	FALVLSGALI			
	
Mur.	630	640	650	660	670	680	690
	YSYPVVSYWDSQDQPLALDPELAGVPRER	VQVPLTRVGGGASMAAQRSYWPHFLIV	TVLLAIVLLGLT				
	
Hum.	710	720	730	740	750	760	
	ILVASPLRALRARGKVQGCETLRPGEKAPL	SREQHLQSPKECRTSASD	VDADNNCLGTEVA				
	
Mur.	700	710	720	730	740	750	760
	LLLASPLGALRARGKVQCGMLPPREKAPL	SRDQHLQPSKDHRTSASD	VDADNNHLGAEVA				
	

Fig. 60C

[illegible]

Fig. 61A

Hum.	530	540	550	560	570	580	590
	GGAGGACAAGGT	CATGGAGGGA	AAAGCCCA	AAAGCCCC	TTTGACCC	CGCTCACAAG	CATACG-GCTGTC
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Mur.	560	570	580	590	600	610	620
	GATAGACAAG	TGTCATGGAC	GGGAAGG	CCAAAGCC	-TTTGACCC	TGTTCA	CAAGCACACAAGCTGTC
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Hum.	600	610	620	630	640	650	660
	GGTGGATGG	GATGCTCT	ATTCTGTG	TACTATGA	AACTTCT	TGGCAGT	GAGCCCATCCTGATGCGCACA
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Mur.	630	640	650	660	670	680	690
	GGTCGATGG	GATGCTTT	ATTCCGGC	ACCATGA	AACTTCT	TGGCAGCG	AGCCCATCCTGATGCGGACA
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Hum.	670	680	690	700	710	720	730
	CTGGATCC	CAGCCTGT	CTCAAGAC	CGACA	ACTTCT	CCGCTGG	CTGCATCATGACGCCCTCCTTTGTGG
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Mur.	700	710	720	730	740	750	760
	CTGGATCC	CACTCCTG	TTCTCAAG	ACTGAC	ATCTTCT	TACGCTGG	CTGCACGCGGATGCCCTCCTTCGTGG
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Hum.	740	750	760	770	780	790	800
	CAGCCATCC	CTTCGAC	CCAGGTC	GTCCTACT	TCTTCT	TTCGAGG	AGACAGCCAGCGAGTTTGACTTCTTTGA
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT
Mur.	770	780	790	800	810	820	830
	CAGCCATT	CCATCC	ACCGTC	GTCCTATT	TCTTCT	TTGAGG	AGACAGCCAGCGAGTTTGACTTCTTTGA
	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT

Fig. 61C

[illegible]

Fig. 61D

1330 1340 1350 1360 1370 1380 1390

Fig. 61E

1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430
Hum. AGGCTGTGTAAGTGGGACAGCAGTGCTCATCTGGTGGAAAGAGATTTCAGCTGTTCCTGACCCCTGAACC						
1400	1410	1420	1430	1440	1450	1460
Mur. AGGCTGTGTTGCCCTCAGGACAGCAGTGCTTATCTCGTGGAGGAGAGATTTCAGCTGAGCCCTGACTCTGAGCC						
1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500
Hum. TGTTCGCAACCTGCAGCTGGCCCCCCCCACCCAGGGTGCAGTGTTGTAGGCTTCTCAGGAGGTGCTCTGGAGG						
1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530
Mur. TGTTCGAAACCTGCAGCTGGCCCCCCCCAGGGTGCAGTGTTGTCAGGCTTCTCTGGAGGCACTCTGGAGA						
1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570
Hum. GTGCCCCGAGCCAACTGTAGTGTCTATGAGAGCTGTGTGGACTGTGTCCCTTGCCCCGGGACCCCCACTGTG						
1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
Mur. GTTCCCAGGGCCCAATTGCAGTGTCTACGAGAGCTGTGTGGACTGTGTGCTTGCCAGGGACCCCTCACTGTG						
1580	1590	1600	1610	1620	1630	1640
Hum. CCTGGGACCCCTGAGTCCCGAACCTGTTGCCCTCCTGTCTGCCCCCAACCTGAACCTCCTGGAAGCAGGACAT						
1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670
Mur. CCTGGGACCCCTGAATCAAGACTCTGCAGCCCTTCTGTCTGGCTC-TACCAAGCCT--TGGAAGCAGGACAT						

Fig. 61F

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.
Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)
Attorney/Agent: Mario Cloutier
Docket No.: MPI2000-535OMNICN1M
Replacement Sheet 194 of 213

	1650	1660	1670	1680	1690	1700	1710
Hum.	GGAGCGGGGAACCCAGAGTGGGCATGTGCCAGTGCCCCCATGAGCAGGAGCCCTTCGGCCTCAGAGCCCGC						
	: :						
Mur.	GGAACGGGCAACCCGGAGTGGGTATGCACCCGTGGCCCCCATGGCCAGGAGCCCCCGGCGTTCAGAGCCCCC						
	1680	1690	1700	1710	1720	1730	1740
	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780
Hum.	CCGAAATCATTAAGAAGTCCCTGGCTGTCCCCTCAACTCCATCCTGGAGCTCCCTGCCCCCACCTGTCTCAG						
	: :						
Mur.	CCTCAACTAATAAGAAGTCCCTGACAGTCCCCCAACTCCATCCTGGAGCTGCGCTGCCCCCACCTGTCTCAG						
	1750	1760	1770	1780	1790	1800	1810
	1790	1800	1810	1820	1830	1840	1850
Hum.	CCTTGGCCCTTTATTATTGGAGTCATGGCCAGCAGCAGTCCCAGAACCTCTTCCACTGTCTACAATGG						
	: :						
Mur.	CAC TGGCCCTCTTACC ACTGGAGTCATGGCCGAGCCAAAATCTCAGAAAGCCCTCTGTCTACCGTCTACAATGG						
	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880
	1860	1870	1880	1890	1900	1910	1920
Hum.	CTCCCTCTTGCTGATAGTGCAGGATGGAGTTGGGGGTCTCTACCAGTGTGGGCAACTGAGAAATGGCTTT						
	: : : : : : : : : : . :						
Mur.	CTCCCTCTTGCTGCTGCCGAGGATGGTGTCTGGGGGCCCTCTACCAGTGTGTGGGCACTGAGAACGGCTAC						
	1890	1900	1910	1920	1930	1940	1950

Fig. 61G

	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990
Hum.	TCATACCCCTGTGATCTCCTACTGGGTGGACAGCCAGGACCAGACCCCTGGCCCTGGATCCTGAAC	1990					
	GGCAG						
	TCATACCCCTGTGGTCTCCTATTTGGGTAGACAGCCAGGACCAGCCCTGGCGCTGGACCCCTGAGCTGGCGG						
Mur.	1960	1970	1980	1990	2000	2010	2020
	2000	2010	2020	2030	2040	2050	2060
Hum.	GCATCCCCCGGAGCATGTGAAGTCCCGTTGACCCAGGGTCAGTGGTGGGGCCGCCCTGGCTGCC						
	AGCA						
	GGGTTCCCGGTGAGCGTGTGCAGGTCCCGCTGACCCAGGGTCGGAGCGGAGCTTCCATGGCTGCC						
Mur.	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090
	2070	2080	2090	2100	2110	2120	2130
Hum.	GTCCCTACTGGCCCCACTTTGTCACTGTCACTGTCCCTTTTGCCTTAGTGCTTTCAGGAGCCCTCAT						
	CTATC						
	GTCCCTACTGGCCCCCATTTTCTCATCGTTACCGTCCCTGGCCATCGTGCTCCTGGGAGTGCTCACTCTC						
Mur.	2100	2110	2120	2130	2140	2150	2160
	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200
Hum.	CTCGTGGCCCTCCCCCATTTGAGAGCACTCCGGGCTCGGGGCAAGTTTCAGGGCTGTGAGACCCCTGCGCCCTG						
	CTG						
	CTCCTCGCTTCCCCCACTGGGGGCGCTGCGGGCTCGGGGTAAGTTTCAGGGCTGTGGGATGCTGCC						
Mur.	2170	2180	2190	2200	2210	2220	2230

Fig. 61H

Hum.	GGGAGAAAGGCCCGTTAAGCAGAGAGCAACACCTCCAGTCTCCCAAGGAATGCAGGACCTCTGCCAGTGA	2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270
Mur.	GGGAAAAGGCTCCACTGAGCAGGGACAGCACCTCCAGCCCTCCAAGACCAACAGGACCTCTGCCAGTGA	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300
Hum.	TGTGGACGCTGACAACAACACTGCCCTAGGCACCTGAGTAGCTTAACTCTAGGCACAGG-CCGGGGCTG--C	2280	2290	2300	2310	2320	2330	2340
Mur.	CGTAGATGCCGACAACAACCATCTGGGGCGCCGAAGTGGCTTAAACA-GGGACACAGATCCGCAGCTGAGC	2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370
Hum.	GGTGCAGGCACCTGGCCATGCTGGCTGGGGGCCCAAGCACAGCCCTGACTAGGATGACAGCAGCACAAA	2350	2360	2370	2380	2390	2400	2410
Mur.	AGAGCAAGCCCACTGGCCTTGTGGCTATGC-----CAGGCACAG-----TGCCACTCT--	2380	2390	2400	2410	2420		
Hum.	AGACCACCTTTCTCCCTGAGAGGAGCTTCTGTCTACTCTGCATCACTGATGACACTCAGCAGGGTGATGC	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480
Mur.	-GACCA-----GGGTAGGAG--GCT-CT-C-CTGCTA-ACGTGTGTCACTACAG-----C	2430	2440	2450	2460	2470	2480	

Fig. 61I


```
2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550
Hum.  ACAGCAGTCTG-CCTCCCTATGGGACTCCCTTCTACCAAGCACATGAGCTCTCTAACAGGGTGGGGGCT
      :: :::: : :::::::::::::::::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  ACC-CAGTAGGTCCTCCCTGTGGGACTCTCTTCTGC-AAGCACATT-----GGGCT
      2470      2480      2490      2500      2510

2560      2570      2580      2590      2600      2610
Hum.  ACCCCCAGACCTGCTCCTACACTGATA-TTGAAGAACCTGGAGAGGATCCTTCAGTTCTGGCCCATTCAG
      . : :: ::::: . : . ::::: . : ::::: ::::: ::::: . : :::::
Mur.  GTCTCCATACCTGTACTTGTGCTGTGACAGGAAGAGCCAGAC-AGGTTTCTTTGATTTTGATTGACCCAA
      2520      2530      2540      2550      2560      2570      2580

2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680
Hum.  GGACCT-CCAGAAACACA-GTGTTTCAAGAGATCCTAATAAAACCTGCCCTGCCAGGACCCCTATGGTA
      ::::: ::::: ::::: : ::::: ::::: ::::: : ::::: ::::: :::::
Mur.  GAGCCCTGCCCTGTAAACAAACGTGCTCCAGGAGA-CCATGAAAGGTGTGGCTGTCT-GGGATTCTGTGGTG
      2590      2600      2610      2620      2630      2640      2650

2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750
Hum.  ATGAACACCAACATCTAAACAATCATATGCTAA-CATGC---CAC--TCCTGGAAACT-CCACTCTGAA
      : :::: : ::::: . : . ::::: : ::::: : ::::: : ::::: : :::::
Mur.  ACAAAC-CTAAGCATCCGAGCAAGCTGGGGCTATTCTCTGCAAACTCCCATCCTGAACGCTGTCACTCTAGA
      2660      2670      2680      2690      2700      2710      2720
```

Fig. 61J

```

2760      2770      2780      2790      2800      2810
Hum.  ----GCTGCCGCTTTGGACACCAACACTCCCTTCT-CCCAGG-GTCATGCAGGGATCTGCTCCCTCCTGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  AGCAGCTGCTGCTTTGAACACACAGCCACCCCTCCTTCCCAAGAGTCTCTATGGAGTTGGC-CCCTTGTGT
2730      2740      2750      2760      2770      2780      2790

2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880
Hum.  TTCCCTTACCAGTCGTGCACCCGCTGACTCCAGGAAGTCTTCCCTGAAGTCTGACCACCTTCTCTCTTGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  TTCCCTTACCAGTCGGGCCATACTGTTT---GGGAAGTCATCTCTGAAGTCTAACCACTTCCCTTCTTGG
2800      2810      2820      2830      2840      2850

2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950
Hum.  TTCAGTTGGGCAGACTCTGATCCCT---TCTGCCCTGGCAGAAATGGCAGGGGTAATCTGAGCCCTTCTTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  TTCAGTTGGACAGATTGTTATTATTGTTCTCTGCCCTGGCTAGAAATGGGGGCATAATCTGAGCCCTTGTTC
2860      2870      2880      2890      2900      2910      2920

2960      2970      2980      2990      3000      3010
Hum.  ACTCCTTTACCC---TAGCTGACCCCTTACCTCTCCCTCC---CCTCCCTTTTCCCTTTTGGGATTCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  ---CCTGTCCAGTGGCTGACCC-TTGACCTCTTCCCTTCCCTCC---TCCCTTTGTTTGGGATTCAGA
2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
```

Fig. 61K

```

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Hum.  AAAC TGCTGTCAGAGACTGTTTATTTTATTATAAAATATAAGGCTTAAAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  AAAC TGCTGTCAGACACAATTATTTTATTATAAA--AGATATAA
      3000      3010      3020      3030

3090      3100
Hum.  AAAAAAAGGGCGGCCGC
      . . . . .
Mur.  GCTTTAAAG-----
      3040
```

Fig. 61L

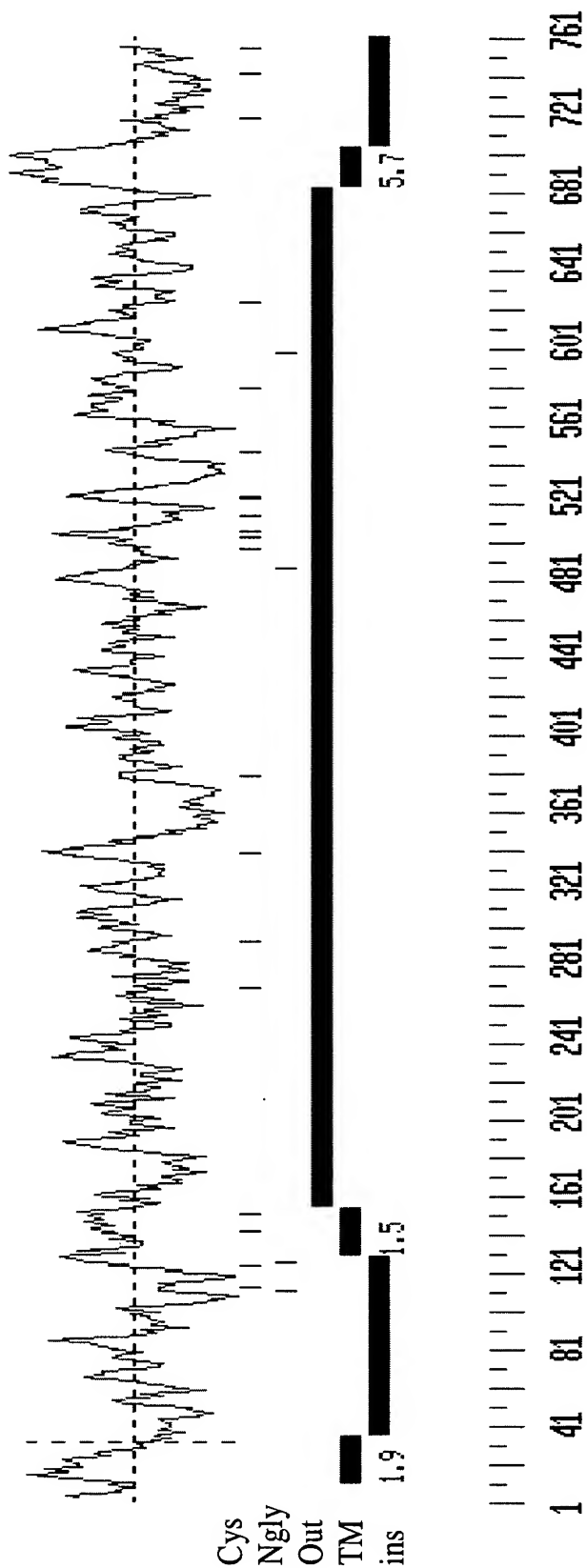


Fig. 62

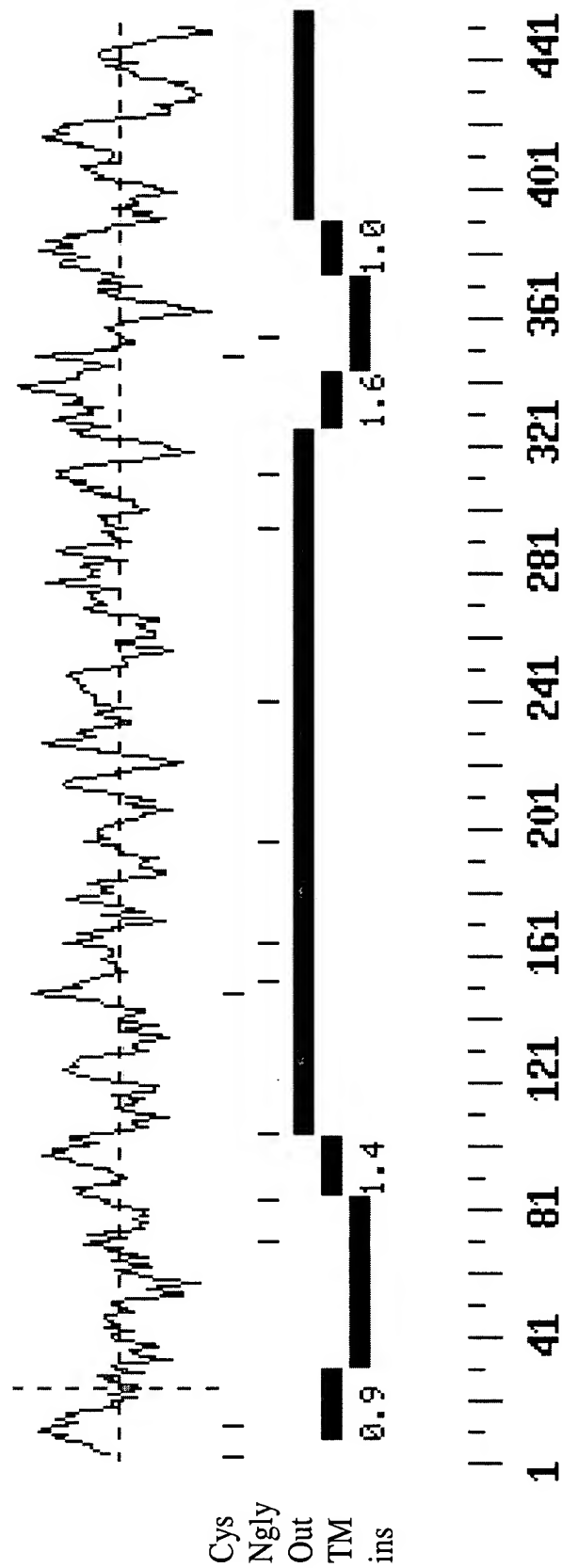


Fig. 63

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKT-IPVLWGCFL-LWNLYVSSSQTIYPGIKARITQRALDYGVDAGMKMIEQMLKEKKLPDLSGSESL
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI MARGPCNAPRWVSLMVLVAIGTAVTAAVNPGVVVRISQKGLDYASQQGTAALQKELKRIKIPDYS--DSF
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNYNFSNIKISAFSPNTSLAFVPGVGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPME--
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI KIKHLGKGHYSFYSMDIREFQLPSSQISMVNPVGLKFSISNANIKISGKWKAQKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130

286 -----KPI-----140     150
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKSKVGWLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200

286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDNLKGVFYPLENLTDPPFSPVFPVLPERSN
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI VSSKLQPYFQTLPVMTKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPPFAPPVMEFFAAHD
210     220     230     240     250     260     270
```

Fig. 64A


```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKTIPVLWGCFLWNLYVSSSQTI--YPGIKARITQRALDYGVDGQAGMKMIEQMLKEKKLPDLSGSESL
: . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP MGALARAL--PSILLALLLTSTPEALGANPGLVARITDKGLQYAAQEGLLALQSELLRITLPDFTG--DL
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVYNFNSNIKISAFSFPNTSLAFVPGVGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPM--
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP RIPHVGRGRYEFHSLNIHEFQLPSSQISMVNPVGLKFSISNANIKISGKWKAKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130

286 -----KPI-----LKN-LNEMLCPIIASE
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKVGLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200

160     170     180     190     200     210     220
286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDNLKGVFYFPLENLTDPFPFVFLPERSN
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP VSSKLQPYFQTLPMVMTKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPPPFAPPVMEFFAAHD
210     220     230     240     250     260     270
```

Fig. 65A


```

10      20      30      40      50      60      70
294 MLETLSRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQNRVNSVHMPTKAVDPEAFMNISEIIQHQQPCEEEYEVATEDG
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP M-----WLL-----LTMASLISVLGTTTHGLFGKLH-----PGSPEVTMNISQMITYWGYPNEEYEVVATEDG
      10      20      30      40      50

      80      90      100     110     120     130     140
294 YILSVNRIPRGLVQPKKKTGSRPVVLLQHGLVGGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWMGNSRGNAWSRK
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP YILEVNRIPYGKKNSGNTGQRPVFLQHGLLASATNWNISNLPNNSLAFILADAGYDVWLGNRSGNTWARR
      60      70      80      90      100     110     120

      150     160     170     180     190     200     210
294 HKTLSIDQDEFWAFSYDEMAREFDLPVAVINFILQKTGQEKIYVVGYSQGTMGFFIAFSTMPELAQKIKMYF
.      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP NLYYSPDSVEFWAFSFDEMAKYDLPATIDFIVKKTGQKQLHYVGHVSQGTIGFFIAFSTNPFLAKRIKTFY
      130     140     150     160     170     180     190

      220     230     240     250     260     270
294 ALAPIATVKHAKSPGTKFLLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQ-LVIYLCGQVILDQICSNIMLLLGGF
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP ALAPVATVKYTKSLINKLRFVPQSLFKIFGDKIF-YPHNFFDQFLATEVCSREMLNLLCSNALFIICGF
      200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 66A

```
280      290      300      310      320      330      340
294 NTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRYRVDRDMTVPT
    . . . . . : : : : : . . . . . : : : : : . . . . . : : : : :
HLP DSKNFNTSRLLDVYLSHNPAGTSVQNMFWHTQAVKSGKFQAYDWGSPVQNRMHYDQSQPPYYNVTAMNVPI
    270      280      290      300      310      320      330

    350      360      370      380      390      400      410
294 AMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HLP AVWNGGKDLLADPQDVGLLLPKLPNLIYHKEIPFYNHLDFIWAMDAPQEVYNDIVSMISEDKK-----
    340      350      360      370      380      390

    420
294 EAVL

HLP -----
```

Fig. 66B

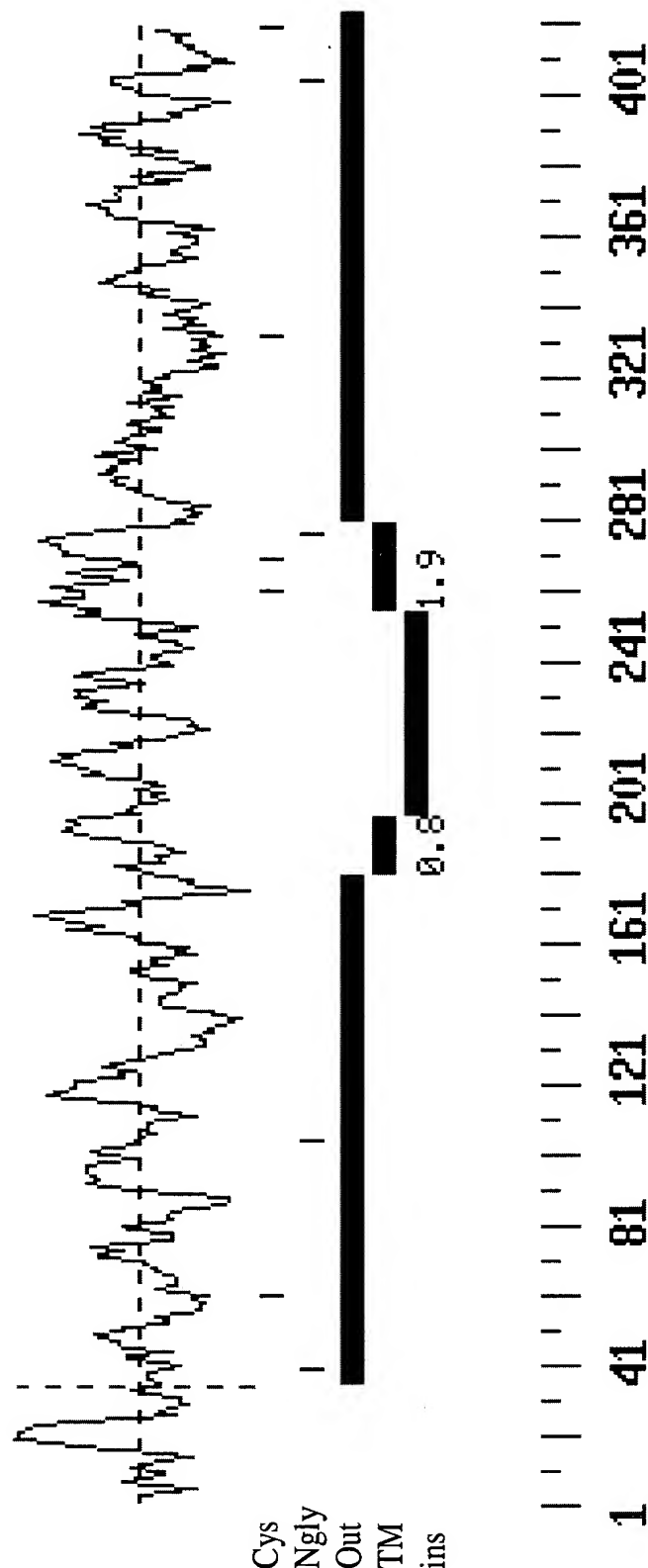


Fig. 67

```

10      20      30      40      50      60
294 MLETLRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQRNVNSVHMPTK--AVDPEAFMNISEIIQHGGYPCPEEYEVATE
:      :...: . . . . : :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL M-----KMRFLGLVVCLVLWPLHSEGGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSPEEYLVETE
      10      20      30      40      50
70      80      90      100     110     120     130
294 DGYILSVNRIPRGLVQPKKTGSRPVVLLQHGLVGGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWMGNSRGNAWS
:      :...: . . . . : :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL DGYILCLNRIPHGRKNHSDKGPVVFLLQHGLLADSSNWVTNLANSSLGFILADAGFDVWMGNSRGNNTWS
      60      70      80      90      100     110     120
140     150     160     170     180     190     200
294 RKHKTLSDQDEFWAFSYDEMAREFDLPVINFILQKTGQEKIYVVGYSQGTMTMGFIAFSTMPELAQKIKM
:      :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL RKHKTLSVSQDEFWAFSYDEMAYDLPASINFILNKTGQEQVYVVGHSQGTITIGFIAFSQIPELAKRIKM
      130     140     150     160     170     180     190
210     220     230     240     250     260     270
294 YFALAPIATVKHAKSPGKTFLLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQLVIYLCGQVILDQICSNIMLLGG
:      :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL FFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLIKDLFGDKFELPQSAFLKWLGLGTHVCTHILKELCGNLCFLLCG
      200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 68A

```
280      290      300      310      320      330      340
294 FNTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRYRVRDMTVP
    :: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
LAL FNERLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMLHWSQAVKFKQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPPPTYNVKDMMLVP
270      280      290      300      310      320      330

350      360      370      380      390      400      410
294 TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNIEIHLMQQEETNLSQGR
    :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
LAL TAVWSGGHDWLADVVDVNILLTQITNLVFHESIPWEHLDFIWGLDAPWRLYNKIINLMRKYQ-----
340      350      360      370      380      390

420
294 CEAVL

LAL -----
```

Fig. 68B

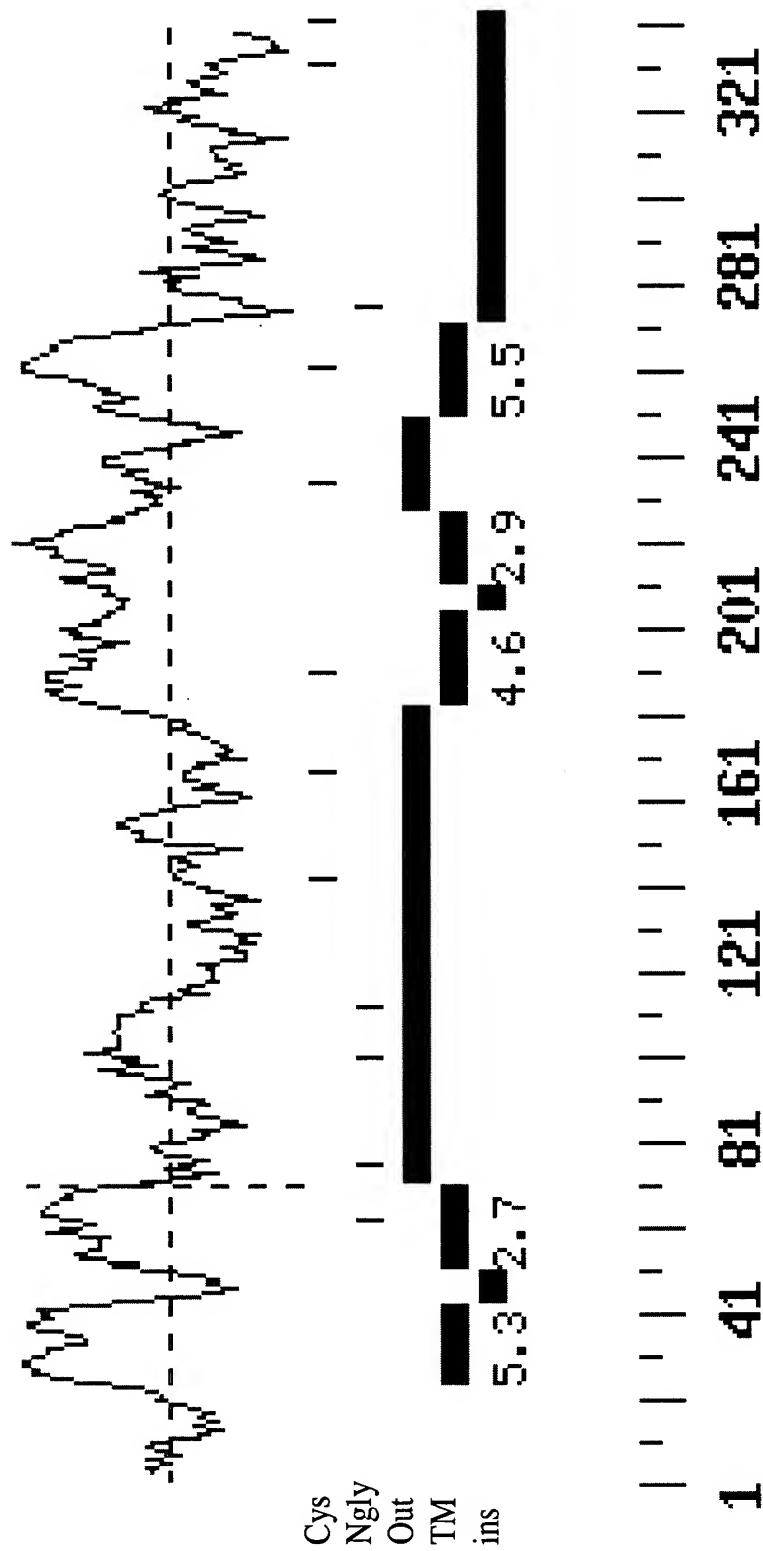


Fig. 69

```

10      20      30      40      50      60      70
296 MATLGHTFPFYAGPKPTFPMDTTLASIIIMFLTALATFIVILPGIRKTRLFWLLRVVTSLSFIGAAILAV
:   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP M-RIAH-----ASSRGNI-----SIFSFLIPLIAYILILPGVR-RKRVVTTVTYVLMMLAVGGALIAS
10      20      30      40      50

80      90      100     110     120     130
296 NFSSEWSVGQVSTNTSYKAFSSEWISADIGLQVGLGGVNITL-----TGTPVQQQLNETIN--YNEEFTW
.   .   .   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP LIYPCWASGSQMIYTQFRGHSNERILAKIGVEIGLQKVNVTLKFERLLSSNDVLPGSDMTELYYNEGFDI
60      70      80      90      100     110     120

140     150     160     170     180     190     200
296 RLGENYAECAKALEKGLPDPVLYLAEKFT-PRSPCGLYRQYRLAGHYTSAMLWVAFLCWLLANV-MLSM
.   .   .   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP SGISSMAEALHHGLENGLPYPMLSVLEYFSLNQDSFDWGRHYRVAGHYTHAAIWFAFACWCLSVVLMFL
130     140     150     160     170     180     190

210     220     230     240     250     260
296 PVLVYGGYMLLATGIFQLLALLFFSMATSLTSPCPLHL---GASVLHTHHGPAF----WITLTTGLLCVL
:   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP PHNAYKS--ILATGISCLIACLVYL-----LLSPCELRIAFTEGFENFERVDLTATFSFCFYLIFAIGILCVL
200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 70A

270	280	290	300	310	320
296	LGLAMAVAHRMQPHRLKAF	FNQSVDEDPMLEW-----	SPEEGLLSPRY--RSMADSPKSQD	IPLSEAS	
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
CRP	CGLGLGICEHWRIYTLSTF	LDDASLDEHVGP	KWKLLPTGGPALQGVQIGAYGT	TNTNSSRDKNDI	SSDKTA
	270	280	290	300	310
	330	340		320	330
296	STKAY-----CK-----	EAHPKDPD-----	CA-----L		
	: : :	: : :	: :		
CRP	GSSGFQSRSTCQSSASSAS	LSRSQSSIETVHDEAELE	RTHVHFLQEP	CSSSST	
	340	350	360	370	380

Fig. 70B